

WO 99/55858

PCT/DE99/01258

DNA-Sequenzen Seq ID No:	Peptid-Sequenzen Seq. ID. No.
	530
124	531
	532
	533
125	534
	535
	536
126	537
	538
	539
127	540
	541
	542
128	543
	544
	545
129	546
	547
	548
130	549
	550
130	551
131	552
	553
	554
132	555
	556
	557
133	558
	559
	560
134	561
	562
	563
135	564
	565
	566
136	567
	568
	569
137	570
	571
	572
138	573
	574
	575
139	576
	577
	578
	579
	580
	581

DNA-Sequenzen Seq ID No:	Peptid-Sequenzen Seq. ID. No.
140	582
	583
	584
142	588
	589
	590
143	591
	592
	593
144	594
	595
	596
597	618
	619
598	620
	621
599	622
	623
600	624
	625
601	626
	627
602	628
	629
603	630
	631
604	632
	633
605	634
	635
606	636
	637
607	638
	639
608	640
	641
609	642
	643
610	644
	645
611	646
	647
612	648
	649
613	650
	651
614	652
	653
615	654
	655
616	656

DNA-Sequenzen Seq ID No:	Peptid-Sequenzen Seq. ID. No.
617	657 658 659

Die erfinderischen Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 1-157, 597-617 der
ermittelten Kandidatengene und die ermittelten Aminosäure-Sequenzen Seq. ID No
5 158-596, 618-659 werden in dem nachfolgenden Sequenzprotokoll beschrieben.

Sequenzprotokoll**(1) ALLGEMEINE INFORMATION:**

5 (i) ANMELDER:

(A) NAME: metaGen - Gesellschaft für Genomforschung mbH

(B) STRASSE: Ihnestrasse 63

(C) STADT: Berlin

(E) LAND: Deutschland

10 (F) POST CODE (ZIP): D-14195

(G) TELEFON: (030)-8413 1673

(H) TELEFAX: (030)-8413 1674

15

(ii) TITEL DER ERFINDUNG: Menschliche Nukleinsäure-Sequenzen aus
Pankreastumorgewebe

20

(iii) Anzahl der Sequenzen: 633

(iv) COMPUTER READABLE FORM:

(A) MEDIUM TYPE: Floppy disk

(B) COMPUTER: IBM PC compatible

(C) OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS

25 (D) SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.25 (EPO)

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 1:

30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1202 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

45

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:1

```
cttcacgat agctaccgct gcttccaacc aaagcaggag ggggccttca cctgctggtc 60
agcagtcact ggcgcccgcc atctcaacta tggotcccgg cttgactata ccctggggga 120
```

```

caggaccctg gtcatagaca cctttcaggc ctctttcctg ctgcctgagg tgatgggctc 180
tgaccactgc cctgtgggtg cagtcttgag tgtgtcctct gtgcctgcaa aacagtgcc 240
acctctgtgc acccgcttcc tccctgagtt tgaggcacc cagctcaaga tccttcgctt 300
cctagtctct ctcaacaaa gtcctgtgtt ggagcagtcg acgctgcagc acaacaatca 360
5 aacccgggta cagacatgcc aaaacaaagc ccaagtgcgc tcaaccaggc ctcccccag 420
tcaggttggc tctagcagag gccagaaaaa cctgaagagc tactttcagc cctcccctag 480
ctgtcccca gctctcctg acatagagct gcctagccta ccactgatga ggcacctcat 540
gacccgaag actccagaag agaaggcagt ggccaaagt gtgaagggg aggccaagac 600
ttcagaagcc aaagatgaga aggagttacg gacctcattc tggaagtctg tgctggcg 660
10 gcccttgcc acaccctct gtgggggcca caggagacca tgtgtgatgc gtactgtgaa 720
gaagccagga cccaacttg gccgcgctt ctacatgtgt gccaggcccc ggggtcctcc 780
cactgacccc tctcccggt gcaattcttc ctctggagca ggcccagctg aaccaatgga 840
ggcctgggga catctggcat ggtcaccctt gcacatgatc tgaggccagc tccccctccc 900
tgagctgcct cctgcttct cctcaaagtc tctaccctt ctcttctct ttaagccct 960
15 ctcttctctg ctttcttcc tacctagctc cttgttggt agcttctgt gccttaatcc 1020
tgtgacccag ccccttacac cactttccac cttctgtcc gaagtacacg gacactagct 1080
gccccaggaa gttgtgtgat tttaaatcac ttctgtcttt gctggaaagt gtatttgtgc 1140
ataaataaag tctgtgtatt tgtttcaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaagga ggtttgaagg 1200
gg 1202

```

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 2:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 25 (A) LÄNGE: 1072 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

40

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:2

```

45 cctccatcag ctgcgcgcgc agcggtgta tttgcggcct gtgcgagtag gcgcttgggc 60
actcagtcct cctggcgagc gacgggcaga aatctcgaac cagtggagcg cactcgtaac 120
ctggatccca gaaggtcgcg aaggcagtag cgtttcctca gcggcgagct gctgcagtaa 180
gaatgtcttt tccacctcat ttgaatcgcc ctcccatggg aatcccagca ctcccaccag 240
ggatcccacc cccgcagttt ccaggatttc ctccacctgt acctccaggg accccaatga 300
50 ttctgttacc aatgagcatt atggctcctg ctccaactgt cttagtaccc actgtgtcta 360
tggttggaag gcatctgggc gcaagaaagg atcatccagg cttaaaggct aaagaaatg 420
atgaaaaattg tggctctact accactgttt ttgttggaac catttccgag aaagcttcag 480
acatgcttat aagacaactc ttagctaaat gtggtttggt tttgagctgg aagagagtac 540
aaggtgcttc cgaaagctt caagccttcg gattctgtga gtacaaggag ccagaatcta 600
55 ccctccgtgc actcagatta ttacatgacc tgcaaatgg agagaaaaag ctactcgtaa 660
aagttgatgc aaagacaaag gcacagctgg atgaatggaa agcaagaag aaagcttcta 720
atgggaatgc aaggccagaa actgtcacta atgacgatga agaagccttg gatgaagaaa 780

```

caaagaggag agatcagatg attaaagggg ctattgaagt ttttaattcgt gaataactcca 840
 gtgagctaaa tgccccctca caggaatctg attctcacc ccaggaagaa gaagaaggaa 900
 aagaaggagg acatttttccg cagatttcca gtggcccccac tgatccctta tccactcatc 960
 actaaggagg atataaatgc tataaaaatg gaagaagaca aaagagacct gatattctcga1020
 5 gagatcagca aattcagaga cacacataag aaactggaag aagagaaagg ca 1072

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 3

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 10 (A) LÄNGE: 1468 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 15 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 3

30 gcacgaggtta ttatgctgtc gtatggctcc actgcagaaa gcaaaagtaa taagactaat 60
 aaaaatatca cctgagaaac ctataacatt ggctgttggt gatggtgcta atgacgtaag 120
 catgatacag gaggcccatg ttggcatagg aatcatgggt aaagaaggaa gacaggctgc 180
 aagaaacagt gactatgcaa tagccagatt taagtctctc tccaaattgc tttttgttca 240
 35 tggctatttt tattatatta gaatagctac cctgtgtacag tatttttttt ataagaatgt 300
 gtgctttatc acaccccagt ttttatatca gttctactgt ttgtttttctc agcaaacatt 360
 gtatgacagc gtgtacctga ctttatataa tatttggttt acttccctac ctattctgat 420
 atatagtctt ttggaacagc atgtagacc tcattgtgta caaaataagc ccacccttta 480
 tcgagacatt agtaaaaacc gcctcttaag tattaaaaca tttctttatt ggaccatcct 540
 40 gggcttcagt catgccttta tttctttttt tggatcctat ttactaatag ggaaagatac 600
 atctctgctt ggaaatggcc agatgtttgg aaactggaca tttggcactt tggctcttcac 660
 agtcatgggt attacagtca caataaagat ggctctggaa actcattttt ggacttggat 720
 caaccatctc gttacctggg gatctattat attttatttt gtattttcct tgttttatgg 780
 agggattctc tggccatttt tgggctccca gaatatgtat tttgtgttta ttcagctcct 840
 45 gtcaagtgggt tctgcttgggt ttgccataat cctcatgggt gttacatgtc tatttcttga 900
 tatcataaag aaggtctttg accgacacct ccaccctaca agtaactgaaa aggacagat 960
 gtactccaac acagttgctt taagtgcaga gttcatcgca ctgcagccat tgtcgagggc1020
 aaggaaatcag ctgagcaaac ttagcttact gaaacaaatg caggatcaaa gtgcttggac1080
 tccatgtgct gtttcccgga aggagaagca gcgtgtgcat ctggttggaa aatgctggaa1140
 50 cgagttatag gaagatgtag tccaaccac atcagcaggt gtgaaatctc tctaagtagc1200
 ctttgcgca gatgagatc ctatctggaa caggatgaac ctgccgctct agatacctaa1260
 taaatcagca gctgggtttta ccaactgaag caggaagtct gctattttatt agcactcttt1320
 ggtggtagat ttcactttgt ggctttgggg taagggtctt ttcactcaca aaggaagaga1380
 aagcaccttt gaagagactt catctaata acaaaaaatt ttgtttcata atcttttcta1440
 55 aatgggctca gtaggagtgg gtgtatgg 1468

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 4:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2331 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 4

```
25  cggctcgaga aaggacctct ccccttttcag atgcctggca tgaggcttcc agaaacccag 60
    gttcttccag gagaaataga tgagactcct ctttccaagc caggacatga ccttgccagc 120
    atggaggata aaacagagaa atggtcttcc cagcctgaag gtccacttaa attgaaagct 180
    tcaagtactg atatgccatc ccagatttct gtggttaatg tggatcaact gtgggaagat 240
    tctgtcctaa ctgtcaaatt ccccaaatta atggtaccaa ggttctcctt ccttgccccc 300
    agctcagagg atgatgtgtt catccctact gtgagggaag tgcagtgtcc agaggccaat 360
30  attgatacag ccctttgtaa ggaaagtccg gggctctggg gagccagcat cctgaaggca 420
    ggtgctgggg tccctgggga gcagcctgtg gaccttaacc tgcctttgga agctccccc 480
    atttcaaagg tcagagtga tattcagggt gctcagggtg aaagtcaaga ggtcactata 540
    cacagcatag tgacaccaga gttttagat ctctcagtac ccaggacttt ttccactcag 600
    attgtgcggg aatcagagat cccacgtca gagattcaaa caccttcgta cggattttcc 660
35  ttattaaaag tgaaaatccc agagccccc acgcaggcta gagtgtacac aacaatgact 720
    caacactcta ggactcagga gggcacagaa gaggctccca tacaagccac cccaggagta 780
    gactccattt ctggagatct ccagcctgac actggagaac catttgagat gatctcttcc 840
    agcgtcaatg tactgggaca gcaaacctc acatttgaag ttcttcttgg ccaccagctt 900
    gcagacagct gttcagatga ggagccagca gaaattcttg agtttcccc tgatgatagc 960
40  caagaggcaa ccacaccact ggcagatgaa ggcagggtct caaaagacaa accagaaagt1020
    aaaaaatctg gtcgtctctg gttttggctt ccaaacattg ggttttcctc ttctgttgat1080
    gagacagggt ttgattccaa aaatgacgtc cagagatctg ctccattca aacacagcct1140
    gaggcacgac cagaggcaga actgcctaaa aaacaggaga aggcaggctg gttccgattt1200
    cccaaattag ggttctcctc atctcctacc aagaaaagca aaagcaccga agatggggca1260
45  gagctggaag aacaaaaact tcaagaagaa acaatcacgt tttttgatgc ccgagaaagt1320
    ttctcccctg aagagaagga agagggtgaa ctgatcgggc ctgtgggcac tgggtggac1380
    tccagagtga tggtgacatc cgcggcaaga acagagttaa tcctgcccga gcaggacaga1440
    aaagtgcagc atgaaagcaa agggtcaggc ctgggaccaa atgaaggctg agaggatagg1500
    ctcatcagta caagagagat gcaaaaaact aagttggaag gtaaggcta cacacacata1560
50  tggagcacc ccatccacag cacattacat ccacctcact tcacagaacg gagaacagag1620
    cagaaatgac cagaacacct ttgtcaccat cacacagccc tcctaaaatg gaaccaaagc1680
    ttcccagctc cctcaaagct ttggatgcaa agaaggcacc ctgacttcca caagacacca1740
    gaattcacac ggtactcaga ggcactgctg gggaaagttt ttggtcttta ttagataaat1800
    ttccagagac ctgtccataa taccacacag aacatgactg tttctttgag gaaaggggta1860
55  taatgtctgt ggtgtacaag tcgttttttg tataacttct ttctgtgtgc tgctgcttcc1920
    cggcaaacat agttttccta tttcaggcag agtgcgggtat attccaggaa acactgtttc1980
    ctactcactt agcttacttc tttgttgaat gcctcactaa tggcaagttt caagatgttt2040
    tgggtgacaa tgcacacatg ctgggcaaaa ggggtgatggc cagtggctgg cagctgggcc2100
```

agcagaagct aggacatctg tgagttgtca ttctcateta tccatgtcca ctggcctgcc2160
 agcatccgcc agtgccttgc cagtgtgcac ggtcccacac tgtggcccct gagtccccta2220
 atgtacacgc tgcagccaga atgcagatgg agctggcttg gctgttccct ggatgggcaa2280
 taaagaaagt gctgcatccc aaaaaaaaaa aaaaagtaaa aaaaaaaagg g 2331

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 5:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1925 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:5

30 aataaaaaaaaa attgtattta cttagaagca ttcagaatgt caacaaaaca gccgcaattt 60
 ttttttttga attacagagt ggtattcagt taacagaaca acaattatct tcgtataagc 120
 tgcatacagag acaactgaag atgaaaaaaaa taaaacccaa aaagaaaacc aaaagaaaaa 180
 aaaaaaaaaa acaaaaaaca aaactaccat ccccatatat aactaatttg tgctgtgcac 240
 caacaagaac ctgctttaa tttccatgcc aatttacaac ccccatactg taccaggcaa 300
 35 ggtagtggtg tattgaaaat accaccagga cagggtatc taaagacaca ttcggtagtg 360
 tgtaactat acaaaaaaag aactgtgaca gtttaaaaac aaatcttaca cagccttaca 420
 tttcaatttt tttctttaa aggagtgaag tgtgtacagg ggggttaaat gctttataga 480
 caagaaaaaa aaaactgogc tagaaccac ttattcatca tcatcatctt cttcttcac 540
 ttcattctt tcatcttct cctcctctc tctctctca tcttctcat cttctctc 600
 40 ttccttctt tcttctgctt tttcagcctt gacaactccc ttttttgctg catcaggctt 660
 tccttttagt cgatatgcag caatattcctt ttcgtatttt tcttctactt cgcagccttc 720
 ttttcataag gctgcttgct atctgcagca gtgttattcc acatctctcc cagtttcttc 780
 gcaacatcac caatggacag gccaggatgt tctcctttga tttttgggag atactcagag 840
 cagaagagga agaaggccga aggaggcctc ttgggtgcat tgggagcctt gaacttcttt 900
 45 tttgtctccc ctttgggagg gatataggtt ttcatttctc tttcataacg ggccttgctc 960
 gcttttgcca tatcttcaaa ttttcttctc tctttagcag acatgggtct ccacctctct1020
 gagcacttct tagaaaactc tgagaagtgt actgaagcat ctgggtgctt cttcttatgc1080
 tcctcccagc aagtttgcac aaaaaatgca tatgatgaca ttttgctctc cggcttctta1140
 ggatctcctt tgcccatggt tagttatttt tctaaaaaat aaaataaata tttgatgtta1200
 50 gcaataaaat tatgacatat aagaccttaa agtacttagt aagggaatga aaaccaagt1260
 actggttatt taacacagta gcgacatcaa cctccgtaaa atcagacaag aatatggccg1320
 agagattaaa ttccttgaag gggctatgcc aagcaacaa acaaaaaaa aaacagtcct1380
 tcagggcgat ctcaaaaagt ctgacacaaa agatataccc atacagtatt ccctatctat1440
 ccgcccagat ctgctctgaa tgagtatcta actggtcact taaacgattt taaaatctag1500
 55 aacaccattt taaaccaacc aaaccaaagg tcagaaaaca tgctgccaat tcgtggcttt1560
 gcactagata gggaataaac aagggcctaa gcgagtcgac tcttctaat tatgggacct1620
 taaaaaaaaa aatcaccgtg caccgaaagt ttcaaaaaac accctctttg cataaaactt1680

tgctccaaaag agggagcagc agccagctcc ggtgctcgga acccggttgg gaggtgcggt1740
 gccaccgcga ggcagcctcg tttctatcg gtttgccct gagatgtatt tctgttctga1800
 ctaaaccagt ccggtctgaa gtttctccga gtaacaagg atgagggaca aaagccactc1860
 ctgctcgtgg ctcggtggcc cctccccc actcgggaag tattttttgg agccgtcaaa1920
 5 gttgg 1925

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 6:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 10 (A) LÄNGE: 1368 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 15 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

- 25 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 6

30 gtcgggggagc gcgggggccgg ggcccagggg accccggggcc acggagagcg ggaagaggat 60
 ggattgcccg gccctcccc cggatggaa gaaggaggaa gtgatccgaa aatctgggct 120
 aagtgtctggc aagagcgatg tctactactt cagteccaagt ggtaagaagt tcagaagcaa 180
 gcctcagttg gcaaggtagc tgggaaatac tgttgatctc agcagttttg acttcagaac 240
 35 tggaaagatg atgcctagta aattacagaa gaacaaacag agactgcgaa acgatcctct 300
 caatcaaaat aagggtaaac cagacttgaa tacaacattg ccaattagac aaacagcatc 360
 aattttcaaa caaccggtaa ccaaagtcac aaatcatcct agtaataaag tgaaatcaga 420
 ccacaaacga atgaatgaac agccacgtca gcttttctgg gagaagaggc tacaaggact 480
 tagtgcacga gatgtaacag aacaaattat aaaaaccatg gaactaccca aaggtcttca 540
 40 aggagttggc ccaggtagca atgatgagac ccttttatct gctgttgcca gtgctttgca 600
 cacaagctct gcgccaatca cagggaagt ctccgctgct gtggaaaaga accctgctgt 660
 ttggcttaac acatctcaac cctctcgcaa agcttttatt gtcacagatg aagacatcag 720
 gaaacaggaa gagcgagtac agcaagtacg caagaaattg gaagaagcac tgatggcaga 780
 catcttctcg cgagctgctg atacagaaga gatggatatt gaaatggaca gtggagatga 840
 45 agcctaagaa tatgatcagg taactttcga ccgactttcc ccaagagaaa attcctagaa 900
 attgaacaaa aatgtttcca ctggcttttg cctgtaagaa aaaaaatgta cccgagcaca 960
 tagagctttt taatagcact aaccaatgcc tttttagatg tatttttgat gtatatatct1020
 attattcaaa aaatcatgtt tattttgagt cctaggactt aaaattagtc ttttgtaata1080
 tcaagcagga ccctaagatg aagctgagct tttgatgcca ggtgcaatct actggaaatg1140
 50 tagcacttac gtaaaacatt tgtttcccc acagttttta taagaacaga tcaggaattc1200
 taaataaatt tcccagttaa agattattgt gacttcaactg tatataaaca tattttttata1260
 ctttattgaa aggggacacc tgtacattct tccatcatca ctgtaaagac aaataaatga1320
 ttatattcac aaaaaaaaaa aaacaccgg gggggggccc gggcccca 1368

55 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 7:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 424 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

5 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

10 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

15 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

20 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 7

```
gaatgccctt tgggggccag gggcccctgg gagccccgcc accctttccc acttggccgg 60
ggtgcccgca gcgcgccccc ctgcacgcat ggcaggctgg cccccccca gagccctccc120
25 cacagccagc agcctttcca cagtcaactgc ccttcccgca gtccccagcc ttccctacgg180
cctcaccggc accccctcag agcccagggc tgcaaccctt cattatccac cagcacaga240
tggtacagct ggggctgaac aaccacatgt ggaaccagag aggggtcccag gcgcccagg300
acaagacgca ggaggcagaa tgaccgcttg tccttgcttg accagctggg gaacaaccct360
30 ggaccgaggg atcggccagg acccatagag cacccggttt ttccctgtgc ctttttgaa420
attg 424
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 8:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

35 (A) LÄNGE: 1020 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

50 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:8

```

5 caagtaaatg cagcactagt ggggtgggatt gaggtctatgc cctgggtgcat aaatagagac 60
  tcagctgtgc tggcacactc agcggctctg gaccgcatcc tagccgccga ctacacacaag 120
  gcagggtgggt gaggaaatcc agagtggcca tggagaaaat tccagtgtca gcattcttgc 180
  tccttgtggc cctctcctac actctggcca gagataccac agtcaaacct ggagccaaaa 240
  aggacacaaa ggactctcga cccaaactgc cccagaccct ctccagaggt tggggtgacc 300
  aactcatctg gactcagaca tatgaagaag ctctatataa atccaagaca agcaacaaac 360
  ccttgatgat tattcatcac ttggatgagt gccacacag tcaagcttta aagaaagtgt 420
10 ttgctgaaaa taaagaaatc cagaaattgg cagagcagtt tgtcctcctc aatctggttt 480
  atgaaacaac tgacaaacac ctttctcctg atggccagta tgtccccagg attatgtttg 540
  ttgaccatc tctgacagtt agagccgata tcaactggaag atattcaaac cgtctctatg 600
  cttacgaacc tgcagataca gctctgttgc ttgacaacat gaagaaagct ctcaagttgc 660
  tgaagactga attgtaaaga aaaaaaatct ccaagccctt ctgtctgtca ggccttgaga 720
15 cttgaaacca gaagaagtgt gagaagactg gctagtgtgg aagcatagtg aacacactga 780
  ttagggttat gtttaagtgt acaacaacta tttttaaga aaaacaagtt ttagaaattt 840
  ggtttcaagt gtacatgtgt gaaaaaata ttgtatacta ccatagtgag ccattgattt 900
  ctaaaaaaaaa aaataaatgt tttgggggtg ttctgttttc tcaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 960
  aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaattgcc ccaaggggga cgggttacaa ttggggggcg1020
20

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 9:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

```

25 (A) LÄNGE: 718 Basenpaare
  (B) TYP: Nukleinsäure
  (C) STRANG: einzel
  (D) TOPOLOGIE: linear

```

```

30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
  hergestellte partielle cDNA

```

```

  (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

```

```

35 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

```

(vi) HERKUNFT:

```

  (A) ORGANISMUS: MENSCH
  (C) ORGAN:

```

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

```

40 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

```

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 9

```

45 tgaaaaagta aactacattt cctagcgtgc ccgtgtcttg cttccggctg acgtgtcttt 60
  caggaagagg agctggtag aagacagcga aatgggcct ccggcccccg gcccgccctc120
  cggcggctcc ggggaggtag acgagctgtt cgacgtaaag aacgccttct acatcggcag180
  ctaccagcag tgcataaacg aggcgcacgg gtgaagctgt caagcccaga gagagacgtg240
  gagagggacg tcttcctgta tagagcgtac ctggcgaga ggaagtccg tgtggtcctg300
50 gatgagatca agccctcctc ggcccctgag ctccaggccg tgcgcatgtt tgctgactac360
  ctgcgccacg agagtccgag ggacagcatc gtggccgagc tggaccgaga gatgagcagg420
  agcgtggacg tgaccaacac caccttctg ctcatggccg cctccatcta tctccacgac480
  cagaaccggg atgcgcctt gcgtgcgtg caccagggg acagcctgga gtgcacagcc540
  atgacagtgc agatcctgct gaagctggac cgctggacc tcgcccggaa ggagctgaag600
55 agaatgcagg acctggacga ggatgccacc ctacccagc tcaaggtctt ggtaagcttg660
  caacgggtgt aaaagctcaa ggatccttct gatttcaggg attggtaaaa ttgttcca 718

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 10:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 1202 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

15

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

20

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 10

25 gcaggaccgt cattgacgcc atgagcgcgc tctgcggcgt gctgcgcacg ggtgccccag 60
 ccgctgcgtg cctgcgggtg gggaccagt cagggaccgg gtcgcgccgt gctatggccc 120
 tgtaccacac tgaggagcgc ggccagccct gctgcgagaa ttaccgcctc ttctttaaga 180
 atgtaactgg tcactacatt tcccccttcc atgatattcc tctgaagggt aactctaaag 240
 aggaaaatgg cattcctatg aagaaagcac gaaatgatga atatgagaat ctgtttaata 300
 30 tgattgtaga aatacctcgg tggacaaatg ctaaaatgga gattgccacc aaggagccaa 360
 tgaatcccat taaacaatat gtaaaggatg gaaagctacg ctatgtggcg aatatcttcc 420
 cttacaaggg ttatatatgg aattatggta ccctccctca gacttgggaa gatccccatg 480
 aaaaagataa gagcacgaac tgctttggag ataatgatcc tattgatgtt tgcgaaatag 540
 gctcaaagat tctttcttgt ggagaagtta ttcatgtgaa gatccttggg attttggctc 600
 35 ttattgatga aggtgaaaca gattggaaat taattgctat caatgcgaat gatcctgaag 660
 cctcaaagtt tcatgatatt gatgatgta agaagttcaa accgggttac ctggaagcta 720
 ctcttaattg gtttagatta tataaggtag cagatggaaa accagaaaac cagtttgctt 780
 ttaatggaga attcaaaaac aaggcttttg ctcttgaagt tattaatcc actcatcaat 840
 gttggaaagc attgcttatg aagaagtgtg atggaggagc tataaattgc acaaactgac 900
 40 agatatctga tagcccttcc cgttgcactc aagagggaagc aagatcatta gttgaatcgg 960
 tatcatcttc accaaataaa gaaagtaatg aagaagagca agtgtggcac ttccctggca 1020
 agtgattgaa acatctgaaa ttctgctgtc aagattccca tctctaagga ctccaagtgc 1080
 tagagacaag ggggtctatg agcatttact gacttcctgt taaaacttca ttttttcaaa 1140
 ctttttgagc tatgcaatat ataaataaac agtaagaatt ttaaattaaa aaaaaaaaaa 1200
 45 aa 1202

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 11:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 50 (A) LÄNGE: 1610 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 55 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:11

15

ggagccggga ctgcggggcg gcggggcggg gcgtcgctgc gcggctggcc ggtgaggccg 60
cgccatgggg cgagtgcagc tcttcgagat cagcctgagc caccggccgc tctgtctacag 120
ccccggggag ccgttggtcg ggaccgtgcg cgtgcgcctg ggggcaccgc tgcggttcg 180
agccatcccg gtgacctgca taggttctctg cggggtctcc aacaaggcta atgacacagc 240
20 gtgggtagtg gaggagggtt acttcaacag ttccctgtcg ctggcagaca aggggagcct 300
gcccgttgga gagcacagct tccccttcca gttccctgctt cctgccactg caccacgctc 360
ctttgagggt cctttcgga agatcggtgca ccagggtgagg gccgccatcc acacgccacg 420
gttttccaag gatcacaagt gcagcctcgt gttctatata ttgagccct tgaacctgaa 480
cagcatccca gacattgagc aacccaacgt ggcctctgcc accaagaagt tctcctacaa 540
25 gctggtgaag acgggcagcg tggctctcac agccagcact gatctccgcg gctatgtggt 600
ggggcaggca ctgcagctgc atgccgacgt tgagaaccag tcaggcaagg acaccagccc 660
tgtggtggcc agtctgctgc agaaaagtgc ctataaggcc aagcgttga tccacgacgt 720
acggaccatt gcggaggtgg aggggtgcgg cgtaaggcc tggcggcggg cgcagtggca 780
cgagcagatc ctggtgcctg ccttgcccca gtcggccctg ccgggtgca gcctcatcca 840
30 catcgactac tacttacagg tctctctgaa ggccgggaa gctactgtga ccctcccggt 900
cttcattggc aatattgctg tgaacatgc cccagtgagc ccccgccag gcctggggct 960
gcctcctggg gcccacccc tgggtgtgct ttccgcacca cccaggagg aggtgaggc1020
tgaggctgcg gctggcgcc cccacttctt ggacccgctc ttctctcca ccaagagcca1080
ttcgcagcgg cagccctgc tggccacctt gattctgtg cctggtgcgc cggagccctg1140
35 ccctcaggat ggcagccctg cctcacaccc gctgcacct cccttggtga tttcaacagg1200
tgccactgtc ccctactttg cagagggtc cggggggcca gtgccacta ccagcacctt1260
gattcttct ccagagtaca gttcttggg ctaccctat gagggccac cgtcttatga1320
gcagagctgc ggcgcgctg aacccagcct gaccctgag agctgacccc gtgctgcctt1380
ctccaggcag gcctggcctc tgccctggga ctggggcgcc cagggcctcg tgccttctct1440
40 cttggcctag cctggccac tcaggacctg cccagcctct gccagctcct ctgcatccgc1500
cctcttctcc ctggggctgg ggtgggggtg gcaggagct gggacctga gagacaactc1560
ctgtaaataa aacactttat ttgtagaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1610

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 12:

45

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2155 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

50

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

55

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:12

```

cacgcaagga tgaggcgggg tttcgccgtg ggcgcgatgc gtgcagcaaa gaatggagga 60
gtcggaaacc gaacggaagc gggctcgcac cgacgaggtg cctgccggag gaagccgctc 120
cgaggcggaa gatgaggacg acgaggacta cgtgccctat gtgccgttac ggcagcgccg 180
15 gcagctactg ctccagaagc tgctgcagcg aagacgcaag ggagctgcgg aggaagagca 240
gcaggacagc ggtagtgaac cccggggaga tgaggacgac atcccgtag gccctcagtc 300
caacgtcagc ctcttgatc agcaccagca ccttaaagag aaggctgaag cgcgcaaaaga 360
gtctgccaa gagaagcagc tgaaggaa gaagaagatc ctggagagtg ttgccgaggg 420
ccgagcattg atgtcagtga aggagatggc taagggcatt acgtatgatg accccatcaa 480
20 aaccagctgg actccacccc gttatgttct gagcatgtct gaagagcgac atgagcgct 540
gcggaagaaa taccacatcc tggtagggg agacggatc ccaccacca tcaagagctt 600
caaggaaatg aagtttctg cagccatcct gagaggcctg aagaagaaag gcattacca 660
cccaacaccc attcagatcc agggcatccc caccattcta tctggcgtg acatgatagg 720
catcgctttc acgggttcag gcaagacact ggtgttcacg ttgcccgta tcatgttctg 780
25 cctggaacaa gagaagaggt tacccttctc aaagcgcgag gggccctatg gactcatcat 840
ctgcccctcg cgggagctgg cccggcgac ccatggcatc ctggagtact actgccgct 900
gctgcaggag gacagctcac cactcctgct ctgcgcctc tgcattgggg gcatgtccgt 960
gaaagagcag atggagacca tccgacacgg tgtacacatg atggtggcca cccggggcg1020
cctcatggat ttgctgcaga agaagatggt cagcctagac atctgtcgt acctggccct1080
30 ggacgaggct gaccgcatga tcgacatggg cttcgagggt gacatccgta ccatcttctc1140
ctacttcaag ggccagcgac agaccctgct cttcagtgcc accatgccga agaagattca1200
gaactttgct aagagtgcct ttgtaaagcc tgtgaccatc aatgtggggc gcgctggggc1260
tgccagcctg gatgtcatcc aggaggtaga atatgtgaag gaggaggcca agatggtgta1320
cctgctcgag tgccctgcaga agacaccccc gcctgtactc atctttgcag agaagaaggc1380
35 agacgtggac gccatccacg agtacctgct gctcaagggg gttgaggccg tagccatcca1440
tgggggcaaa gaccaggagg aacggactaa ggccatcgag gcattccggg agggcaagaa1500
ggatgtccta gtagccacag acgttgccct caagggcctg gacttccctg ccatccagca1560
cgatcatcaat tatgacatgc cagaggagat tgagaactat gtacaccgga ttggccgcac1620
cgggcgctcg ggaaacacag gcatcgccac taccttcac aacaaagcgt gtgatgagtc1680
40 agtgctgatg gacctcaaag cgctgctgct agaagccaag cagaagggtg cgcccgctg1740
gcagggtgctg cattgcgggg atgagtcct gctggacatt ggaggagagc gcggctgtgc1800
cttctgcggg ggccctgggtc atcggtacac tgactgcccc aaactcgagg ctatgcagac1860
caagcaggtc agcaacatcg gtcgcaagga ctacctggcc cacagctcca tggacttctg1920
agccgacagt ctcccttct ctccaagagg cctcagtccc caagactgcc accagtctac1980
45 acatacagca gccccctgga cagaatcagc atttcagctc agctggcctg gaatgggcca2040
ggctggtcct ggctgcctgt tccctgtgct cttcagaatt actgtttttg tttcctttta2100
ccccagctgc cattaaagcc caaacctcta gcccaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaa 2155

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 13:

50

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1743 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

55

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 13

```
15 cctggggcggg ccctgcgtca ggttgcaagt tcaacttttag ctctgggcac ctccagctcc 60
   tgctcgccgg acggctccca gggagagcag acgcgccaga cgcgccaccc tcggggcgcc 120
   gacggtcacg gagcatgggg tcggcctttg agcgggtagt ccggagagtg gtccaggagc 180
   tggaccatgg tggggagttc atccctgtga ccagcctgca gagctccact ggcttccagc 240
   cctactgcct ggtgggttagg aagccctcaa gctcatggtt ctggaaaccc cggtataagt 300
20 gtgtcaacct gtctatcaag gacatcctgg agccggatgc cgcggaacca gacgtgcagc 360
   gtggcaggag cttccacttc tacgatgcc a tggatgggca gatacagggc agcgtggagc 420
   tggcagcccc aggacaggca aagatcgagc gcggggccgc ggtgtctgac agctccagca 480
   cctcaatgaa tgtgtactcg ctgagtgtgg accctaacac ctggcagact ctgctccatg 540
   agaggcacct gcggcagcca gaacacaaag tctgcagca gctgcgcagc gcggggacaa 600
25 cgtgtacgtg gtgactgagg tgctgcagac acagaaggag gtggaagtca cgcgcaccca 660
   caagcgggag ggctcggggc ggttttccct gcccgagcc acgtgcttgc agggtagggg 720
   ccagggccat ctgagccaga agaagacggt caccatcccc tcaggcagca ccctcgcat 780
   ccgggtggcc cagctggtta ttgactctga cttggacgtc cttctcttcc cggataagaa 840
   gcagaggacc ttccagccac ccgcgacagg ccacaagcgt tccacgagcg aaggcgctg 900
30 gccacagctg ccctctggcc tctccatgat gaggtgcctc cacaacttcc tgacagatgg 960
   ggtccctgcg gagggggcgt tcaactgaaga cttccagggc ctacgggcag aggtggagac 1020
   catctccaag gaactggagc ttttggacag agagctgtgc cagctgctgc tggagggcct 1080
   ggaggggggtg ctgcgggacc agctggccct gcgagccttg gaggagggcg tggagcagg 1140
   ccagagcctt gggccggtg agccctgga cgggccagca ggtgctgtcc tggagtgcct 1200
35 ggtgttgtcc tccggaatgc tgggtccgga actcgctatc cctgttgtct acctgctggg 1260
   ggcactgacc atgctgagt aaacgcagca caagctgtg gcggaggcgc tggagtgcga 1320
   gaccctgtt gggccgctcg agctggtgg cagcctcttg gagcagagt ccccggtggc 1380
   ggagcgcaga ccattgccc gcccccggg ctccctgggga acagctgggg cgaaggagca 1440
   ccggcctggg tcttgtctga cgagtgtgg ctagagctgg gggaggacac tccccacgtg 1500
40 tgctgggagc cgcaggccca gggccgcatg tgtgcaactc acgcctccct ggcactgcta 1560
   tcaggactga gccaggagcc ccactagcct gtgccgggc atggcctggc agctctccag 1620
   cagggcagag tgtttgccca ccagctgcta gccctaggaa ggccaggagc ccagtagcca 1680
   tgtggccagt ctaccatggg gcccaggagt tggggaaaca caataaagg ggcatacgaa 1740
   gga 1743
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 14:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 970 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:14

cggtctcgagt ggggtttttag tttgttcctt ctttttgaag tcccttcatt tcaatccttg 60
actctctctc ccttccctt gccagctct gttgaatgct gctgtgcgcg tgtgagggcc120
15 gctctgcaca caggccctt gggttgtgtg aactgaaatt ctccctgtat ttgtgagact180
cgcaggagtc cccatctgta gcacaggcaa tgccagtgcc atgctgcagc ctcagaaacc240
aggcctctca ctccagcagc aggcagaacc gtgtctgtgg tcgggtgctg tccacagctc300
tgtctgcctt gttcttgggc ttgagctgga tagaggtggg gtctcttcac ctccctgaa360
ttcagaacag accctgtgcc tggcccagc gtgcccagc aattcccag gccctcattg420
20 ggagcccttg gtgtctgag cagcagggcc caggcagcac atgagcagtg cccaggggct480
ccctgcgtga ggacggcaag gtgcgatgta tgtctaactt attgatggca ggcagcccc540
tgtgccccct aagcctggcc ctggttattg ctgagctctg tgctcagtcg tgcggcctgg600
ccgtggctcg tctgttcctt tggggggccc gggcgggttg tgggaatcag tcttcacaga660
cagacgtgag ccaggcggag gactcgttcc ttgcagaggt cagtcctcac ctgcaggtgt720
25 cggggtgggg gggggcaagg aggggcaggc acacaccatg tctgacctga acccgattct780
ggggagcatc ttcccgctcc ggccccacga cctccacagg gttacattgt aatatatatg840
cccagctaa cctgtctgat ggtggcatct tctgcagac atttcaaaca tgtaactttt900
atatgaaaaa aaataaacac agatgaaagc tgcccaatgc caaaaaaaaaa aaaaaaaaaa960
30 aaaaaaaaaa 970

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 15:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

35 (A) LÄNGE: 2003 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

50 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:15

55 gagagatctg aaataacctt tcccagtggg cagggttgcc aggggttgagg ggacagcaca 60

```

taccaccccc acccaacctg ttcgaggggc cctgcatggc acgggatgag tccctgcct 120
gtgcagctgc ctggcagtgg ctgggacaag gatcttgag ccagcacaga ggcctctca 180
aaggcctctc cctcttgga ctccaggcaa ggcagggtgc cgcttcccca acacctccag 240
gcagtgaccc tagggcatgc cccagcaggc ctccgagcag ccactgggac ccgtctcagc 300
5 acatcctggc ctttgaaagt ctgatatcct gagaggaggc cagggttttag ggccgcagtt 360
ccagccagcg tccccagcct ggcttccctg ccatggactc agtagctcgt ggggcttctt 420
accacccacc agccccgctg ggggtgcggc tggctgtggg caaaggagga cttgcctgga 480
gatttgagag aagattcctt ctaccagggc tgctgagggg ccaggcctgc atcaggggct 540
aggtctctgc tgggcccga ggctgagact aaggctttcg accctgggtg ctcctatgtg 600
10 atgctgcctc agacaaaggc agtgagcctt ccctgccaaa gtgcccaccc catgggctcg 660
gcctcactgg tcaactgttag cccatgaaca cgtgtggggt tcggtcacgt ggctttgagg 720
gcagtctgac caggctagac cacacgtgcc gtgacagggg gtgccattcc cctgcaggc 780
tctaagtgtc ccacatgtag cctggcagtc caaagacca gaatcaactt gcaaactctg 840
cattaaactg ctgtgcgact tcaggccttc cactgccttc tctgggcttc agtgtcctt 900
15 tcatacctag aagtctgagg tctgaggctc tttgggttca gacacactgt tctaggcttc 960
tgtaggggac cttgtgatct gccgtgcccc tcttccctgt tcttttctgt cctccccacc 1020
ccaccctcag aagctgcttg ctctgcccc aggacaggag cttgacggat gaagtgcagc 1080
cagccacca ggtgccattt ccagtctgac ttccagaaat gtgcaccatg tcctagagca 1140
cagaccatt ggctggagcc tccctggagg gttcaaacca tcagctctat gagaatgcc 1200
20 cagaaaggct ttgccgactc catccgtctg tggaggtgct ctgcctccgg ggtgggatgg 1260
gtggtttctc ctccaattca gacccaagag gttagccccg agggcatgta cctggtgga 1320
agcagctcag gtacccttgg ggggtgcagg gcccttacgc aggtatttct ctctctctcc 1380
tctctggggt gcgtgtgtgc gtgcgctgt gcgtgcctat gcttttctct gtgggcacat 1440
caggatgcc ctggagagc atgtgcacgt gtccccacct gagcgagcgt gtgtgtgtgc 1500
25 tccctctgct cccagggttg gacgtctagg gtttggtgtg cctgtcttct gccctccctg 1560
agccacagg gtcatcaat gtatcttcta cgtgcctctc cctctgcctt ctctcacagt 1620
gccccggct ccagagctca gggtagggg ttctcctgag ggtgcagggg atccttctca 1680
tctcctggac cctccagggc actctggtcc ctattcccca gctcctaggc agctgagccg 1740
ggtcccttag gggaggtgac caggagcttt ggtgcagggg gctcttggtg gggcaaagg 1800
30 ctggaccct gccaggctg tggacatggt tatatgcccg ggagagggg gtgcagggcc 1860
ccagggatg ccccaatcc cactctgtt tattctgtaa actgcaacct ataaataacc 1920
tttagcattc ctattgtaac aaaattaatt tttatgaaat aaattatatt tcctagtcta 1980
ataaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaa
2003

```

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 16:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 40 (A) LÄNGE: 2279 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

45 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 55 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:16

```

gattgaatta agcccttggg tttgccccac tgcagcttca agcggaagg aaggaaccag 60
ttggaccagt ggtcacagac ccaagcaaaa ggcgaccgca atcagcagct gggctctacc 120
cctttcctct gaaccagtga cccaaacctt tcaccctcga ttgggcaacc ttggcctggg 180
5 gcatgtttat caccactgaa gtgacttgca gctatcaaag accagttaga ggggtgtgcag 240
caagcacttt ctcaggctgc ccccatccca gaagaggaca cagacactga agaaggtgat 300
gactttgaac tacttgacca gtcagagctg gatcaaattg agagtgaatt gggacttaca 360
caagaccagg aagcagaagc acagcaaat aagaagtctt caggtttcct ttcaaactctg 420
ctggggaggcc attaatctag gaatcagctt gcaacagagc acaaaaaaca ccaaaaaaat 480
10 ttcaaacaaa aaaaaaaaaa aaaaaaggaa aagaaaaaaa ttgaactgta agctttaatg 540
attacttttag atttgtttta ttttccttcc tgcagtgaat taattggata tatatcagct 600
gacactgata gattgatatt tctgatcgtt atttttgtgt aataagcatg gaaatgaact 660
ttatacacac cactgtgttg tcagagataa atattagggg ttgtttttaa agcaaaaaga 720
aaaaaacaaa aaccaaacta ttaaaatcct cctataaata ttctttttct ttacagtttt 780
15 tcaagcatgc aaaacagttt attgtaactt actgaaaaat attaacaatt aatttgtaat 840
acatgctgtt accagcttcc ttattcctaa tacctggaaa attttttttt caacggatag 900
attttgatgt aaaaaagacc gaaattatca aggtatctta gttgaaggac ttgggaaata 960
ctatcaaaat taatttctta ggaaaaaatt taaaagtata tttaagtact ctggatagac 1020
tgaacggtt ccatgttatt tctgcagttg tagacttagg cttatttgta aagaagcatg 1080
20 ctccattgac tgccatctct agtcttgca tgggtgggtat taacccatag aaagcaagca 1140
gttgtgtatc acatagacaa tgggttatgat gtaaacagat tcagttgttt tgttgttcatt 1200
tcgtcatatg tttgtgatag ggatgttggg agcacagctc tattctgcct gctcagactt 1260
aagttagacc cttatctttt atattatgtc atgaaaaaag tctcctaaaa ttgtgaaact 1320
agtctttgat gagtgatgtg atcatcagca ataaagatat aataactctg ttttcttagc 1380
25 ctgtatagag gagaggaact tgcttggcct taaaatatat ttatttgcca tttaagtata 1440
aatatgaaat ctgtttctta ttgggaagat agaatatata tattttcctt taaacttttt 1500
aaggtcactt ttaataaacc aaatttgatt tatgggtttt aacaaaggac taaagagctg 1560
aaaccaacct agttttgtt ttgtgatata aactttaagt gtcgagggac catgccagca 1620
actacaaaa atctcttaaa tcttcaggtc cagctggcat tttggcagat gcatagagac 1680
30 atctgagacc ctcagaaaag aaggataatc caagaatata ggaaatctgt gttctcttcc 1740
tttcattttta tcccttata ttctaaagac taattataag taatctgaca ttttaagtata 1800
gctactctta tttatttttt ctttctgagg tattaataa tctggactga gttttgccaa 1860
atgttaaagg gagaagagtt actgaagact ttgaacactt gctttttgtg attgcttatg 1920
tcattagtgc ctcagtactg tgtttgatgt cctttattga tacaagtga gcctgtgcct 1980
35 tcattatctt gccatttta atacaaatgg aaacctggtg ttgaaaatc tctgaactgt 2040
gtgggttttg gaggaatata cctgaatttt attcaataac agtttctgga caggaagaaa 2100
aatacagtta catatttata aaatagtcgt tatcagtatt tttttatgtg tatgtttctt 2160
tctttaaaac aatattcttg gatataaagt agaaaagttt aaaggtcatt tccatttctt 2220
cactaaggag aaaaaagtt aaataatcca agtaattaaa gatataagtc actagatga 2279
40

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 17:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 45 (A) LÄNGE: 761 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:17

```

aaatcttagg gtaagccagc tgccttggaa gcccaccagg gctccagact gcagggaaga 60
agccgggagc aggcagccat acctccactc ttgtcctcaa ggactcagct gtgtggcctt120
ggattttctt ttgcgggact tgcgccctgc aggacactgg tgttgagatt ggagggtcct180
10 atcctgcccc ggggtgactc ccagggttgc agggggatag ggtggagaag ggtgctgtag240
cccttgacag cgtgaagtcc tttctgctct cttagcctat tacattagga gtagcttacc300
tttgggtgcc aacggtccag gatcccccta aaatgggatg gggataattc aggaatcagc360
ctgggttggc acaggggagg tattccttgg agaggcagga ctcacacaca cccatccaga420
tcagtgtagc ttctccctta ggaagcctct aggacatccc ccatgttaga gtccacatca480
15 gcaaagctgc tctgcccttg gctactttca cttgggttac ctgccttggg ctacttccac540
tagctgcaac cctgggacgc atgggagggg aggggtgtga ccctcaggaa cagtgtgttc600
cttggagggt ctagacagac cctgagcatc accaccccag ttattgtgac cccacgtttc660
caccatcag cctcctgggg tctctgcctg tgtgaacagt agggcccaac ctggaaccag720
atggtacggc catgccggtc ctgcaggag ctcctgcctg g 761

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 18:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1403 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:18

```

ggtaggctttg cctgggtgct gggcctgcgt tctctggctg cttgtgcct gtgtgcgttc 60
cttgggtggct ttggcttctg cactccttgg tegtaccgc tcaggtcctc cattcacacg 120
aggtcctcct cgtcttgcc gctcttgctg ctctgtctg aagaaatcag actgatttcc 180
tcttaagact cctagggatg tgggtgaagag ctgggactca agtgcagtc acggtgtgaa 240
acatgaggga ggtgaggtgt ccgtccactt cccccataaa ggtgtgcatt tcagttaggc 300
50 tgccccgcca cagagcaggc ttcatctgct ctgccatcca gcccatctg gatgtgaggt 360
ggggtggaga catcatgggg tgattgcaga aagggggagt ggcggccac gcagcttctg 420
ctgaggagct gaccgctctg agctgttctg ttctgtattg ctgctctgtg tctgcatgta 480
ttgtgaccgt ggggtccac ctcttccagc tgctgtaca gctgaggcct ggatcccgcc 540
ctttccctgt gacttacgtg tctgtcaccg gcaggcagcc ctacaaatcc tgggtgacctg 600
55 ctctcccaag aacagagcct gtccccagat gtcccagtag cgatgagtaa cagaggtggc 660
tgtggacttc ctctacttct ccttgcctga tcagggcctt cctgcctccc gctgggcagg 720

```

tctggccttg ctctcttggc agggccccag cccctctgac cactctgcag ctccaccatgc 780
 agctgatgcc aaagtgtggt tgtccagtgt gcagcagccc tgggagccac tgccaccttc 840
 agaggggttc cttgctgaga cccacattgc ttcacctggc cccaccatgg ctgcttgcc 900
 5 gggccaacct agcgttctgt gccatgctag agcttgagct gttgctcttc ttcaggggag 960
 gaaatagggg ggagagcggg aagggtcttg ctctaagtgt ttgctgctgt ggcttttttg 1020
 ccttctccaa agacgcactg ccaggtccca agcttcagac tgctgtgctt agtaagcaag 1080
 tgagaagcct ggggtttgga gcccacctac tctctggcag catcagcatc ctactcctgg 1140
 caacatcagg ccaacgtcca cccagcctc acattgccag atgttggcag aagggtctaat 1200
 attgaccgtc ttgactggct ggagccttca aagccactgg gatgtcctcc aggcacctgg 1260
 10 gtcccatgac cagctccccg tctccatagg ggtaggcatt tcactgggtt atgaagctcg 1320
 agtttcatta aatatgttaa gaatcaaaac tgtctttgtt caggctgcta taacaaaaat 1380
 ataatagcct ggggtgctta aac 1403

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 19:

15

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1702 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

30

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 19

gggccgcacc ggagtgtcgg tggatgatgg catccccgagc gtgcggcgcg aggtgcactc 60
 gtacctgact gacactctgc actcgtctcat ctccgagctg agcccgagc agaaggagga 120
 40 ctcggtcatc gtggtgctga tcgccgagac tgactcacag tacacttcgg cagtgcaga 180
 gaacatcaag gccttgttcc ccacggagat ccattctggg ctccctggagg tcatctcacc 240
 ctccccccac ttctaccctg acttctcccg cctccgagag tcctttgggg accccaagga 300
 gagagtcagg tggaggacca aacagaacct cgattactgc ttctcatga tgtacgcgca 360
 gtccaaaggc atctactacg tgcagctgga ggatgacatc gtggccaagc ccaactacct 420
 45 gagcaccatg aagaactttg cactgcagca gccttcagag gactggatga tcctggagtt 480
 ctcccagctg ggcttcattg gtaagatggt caagtctctg gacctgagcc tgattgtaga 540
 gttcattctc atgttctacc gggacaagcc catcgactgg ctccctggacc atattctgtg 600
 ggtgaaagtc tgcaaccccg agaaggatgc gaagactgtg accggcagaa agccaacctg 660
 cggatccgct tcaaacctgc cctcttccag cacgtgggca ctactctc gctggctggc 720
 50 aagatccaga aactgaagga caaagacttt ggaaagcagg cgctgcggaa ggagcatgtg 780
 aaccgcccag cagaggtgag cacgagcctg aagacatacc agcattcac cctggagaaa 840
 gcctacctgc gcgaggactt cttctgggac ttccacctg ccgcggggga cttcatccgc 900
 ttccgcttct tccaacctct aagactggag cgggtcttct tccgcagtgg gaacatcgag 960
 caccggaggg acaagctctt caacacgtct tggaggtgc tgcccttcga caaccctcag 1020
 55 tcagacaagg aggcctgca ggagggccgc accgccaccc tccggtaacc tcggagcccc 1080
 gacgctacc tcagatcgg ctcttctac aaggagtgag cagagggaga ggtggaccca 1140
 gccttcggcc ctctggaagc actgcgcctc tcgatccaga cggactcccc tgtgtgggtg 1200

attctgagcg agatcttcct gaaaaaggcc gactaagctg cgggcttctg agggtagccct1260
 gtggccagcc ctgaagccca catttctggg ggtgtcgtca ctgccgtccc cggaggggcca1320
 gatacgcccc cgcacaaagg gttctgcctg gcgtcgggct tgggccggcc tggggtcgcg1380
 cgctggcccc gagggcctag gagctggtgc tgcctccgcc cgcggggccg cggaggaggc1440
 5 aggcggcccc cacactgtgc ctgaggcccc gaaccgttcg caccgcgcct gccccagtca1500
 ggccgtttta gaagagcttt tacttgggcg cccgccgtct ctggcgcgaa cactggaatg1560
 catatactac tttatgtgct gtgtttttta ttcttgata catttgattt tttcacgtaa1620
 gtccacatat acttctataa gagcgtgact tgtaataaag ggttaatgaa gaaaaaaaaa1680
 aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aa 1702

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 20:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 802 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 20

tttttttttt ttttttttca ttttcaaaag ggcttttatt aaattctccc cacacgatgg 60
 ctccctgcaat ctgccacagc tctggggcgt gtccctgtagg gaaaggccct gttttccctg120
 aggcggggct gggcttgtcc atgggtccgc ggactggccg tgcttggcgc cctggcgtgt180
 gtctagctgc ttcttgcccg gcacagagct gcggggtctg ggggcaccgg gagctaagag240
 caggctctgg tgcagggggtg gaggcctgtc tcttaaccga caccctgagg tgctcctgag300
 40 atgctgggtc caccctgagt ggcacgggga gcagctgtgg ccggtgctcc ttcctaggcc360
 agtcctgggg aaactaagct cgggcccttc tttgcaaaga ccgaggatgg ggtgggtgtg420
 ggggactcat ggggaatggc ctgaggagct acgtgtgaag agggcgcccg tttgttggct480
 gcagcggcct ggagcgcctc tctcctgagc ctgagtttcc ctttccgtct aatgaagaac540
 atgccgtctc ggtgtctcag ggctattagg acttgccctc aggaagtggc cttggacgag600
 45 cgtcatgtta ttttcacaac tgtcctgcga cgttggcctg ggcacgtcat ggaatggccc660
 atgtccctct gctgcgtgga cgtcgcggtc gggagtgcgc agccagaggc ggggccagac720
 gtgcgcctgg gggtaggggg aggcgccccg ggagggcctc acaggaaagt gggctcccgc780
 accaccaggc aggcggggct cc 802

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 21:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1647 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 21

```

accccttctc tttcttttc cctttttctt tttctttttt gggttaagggt gacaccccat 60
ttattggaga agacccacag ccccgccccc tgaggcttta agggcttttg tgtatccttg 120
gtcacgagcg ctggggccagg aagcagagtt cctgagagcc aagtctagt gttgagagag 180
gacctgggt gggcctggg agcaggaagc catctgtcca gctgggcagc ccccatgggt 240
ccctgggtgca gccccggcca tgtgtccagc gcccatact ccatgagggg ggtctgcacc 300
ccatcacacg ctggttctgc aggtctgcac ccctgtgagg ctgcccctgg ggggcatggg 360
ttctgttggg ctctgtctcc cagcatggat gaccagcga tagcagtcag tgatgcgctt 420
25 gttgggtgca tgggggccac agcgggtgca gtacacgatg cccagtgcaa gcaggaccac 480
caaaaagaca cacgttggca ccaggagtgc caccagcagc caccggtcat cctctgggt 540
gtgctcggca agaccagcct cccccagggc tgttggggct gctgtgggag ctggtgaggg 600
cagccacagg gccaaacttg gactggggcc atcttccctt gggatttggg gggctttgga 660
atgggggatgt gtagggctga tgggtgaggt ctggttagtg gggctctgag agggcaggag 720
30 ggtggggagg gctgcgggct gggtggcagc aggcacagag atttgatggg caggagacac 780
aggggacctg gaggtggtg tcaagagagg ctgggcagtt gggataatgg gaagctgggt 840
ggcctgggtt ctgaggacaa gggcatctgg ggcttgagg ggtcgctgg caccgagggt 900
ggtgaccaga ggggcatggt taggtgggat tccaggcaaa tgagtgtgg tctgggtgcc 960
agcgaccgg gtgtctgaa acatggggga ctggtgggca gggaagagct ccggatattt1020
35 ggttgagatc ataggggct ggtgggcagg aggtgtgct gaatgagaga cagagagaat1080
accgggttgg taggcagaag gcagatctgg atagttggct gcgatcacgg ggatctggtg1140
gtcacgggac aaagctgggt gtgtggcagg gatcacagga ggctggtggg cagaaggcag1200
tgtgggatgc gtggcagaga ccaccacagg ccgggtgacg gagagcactg aggagtggta1260
ggggaccctg ggggactga gcgggggtgg ccaggtgggc tccgggtagg gtatctgtgg1320
40 ctctctgtcc tctgggaagc tcggtctata ggccagggca aagtcaggcg gctgcgtagg1380
ctccatccac aggatcccag gcattctcgt ccagccaccg ttgaagcctt ccaggcctcg1440
tcttcattct cctcatcctc cccgtcatcc agcaactcat ctccgaggtc ctgggaaccc1500
tgggcaccca tggcccctgc agggctgcag ctgatgccat cagcctccag ctcatgtccc1560
tcgctacaat aacactcgaa gccaccaacg tagttgacac acatctgctg gcacacaccg1620
45 gcaatctggc actcatctgt gtccaca
1647

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 22:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

50 (A) LÄNGE: 1170 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

55 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 22

```

15 cctcgctggc agaagagata gaatcagggc tgccccacac gagtgggacc caaggggcta 60
   attggaggca cgagggggacc cctccccagg gccttttctt cctctgcgtc ttccatctac 120
   tgaatggga gaggggggtg ggagcttctg ttctgggtgaa gggacccggg caggcccca 180
   gcaccccatg ctgacttggg gaaccccaga tctctggggc ccagccaggc aggggtgtgg 240
   ggcagctgtg ccaatctacc tcacaggccc acccctgcc gggcatgccg tgggatcatg 300
20 ggcagggaa gctctggggg tcggagacac cgctgcttag caccaccagc cagaacaccc 360
   tgagggtctc ggggtctctg agagagtggg gcgggaggaa gaattggcac cttcctaggg 420
   aaggagacga gcgcttcgcc ttgattctcc gagaagcctc cgagaagtgc ttttaagtgtg 480
   tttgcatgcg ccaggcgggtg ggcagcgggg gcctgtccag ccctctcccg ccatccttcc 540
   ccaagtgcg tccactgcct tgtcaccagc gacctgcctg tcatgccac cccctgagga 600
25 agcatgggga ccctaacacc ctggtgccct gcaccagaca ggccgtggtc aggccaggc 660
   caccggccgg gttctgccac agcttcccac gtgcttgctg acatgcgtgt gcctgtgtgt 720
   ggtgtctgtt gctgtgtcgt gaaactgtga ccatcactca gtccaaacaa gtgagtggcc 780
   ctcgaggcca cagttatgca actttcagt tgtgtcataa cgacgtcact gctttttaa 840
   ctcgataact ctttatttta gtaaatgcc caggagtcct ggaagctacg cggacttgca 900
30 gaggttttat tttttggcct tagaatctgc agaaattagg aggcaccgag ccagcgcag 960
   cagcctcgga ccggattgc gtttgcccta gcggatatgt ttatacagat gaataaaaa 1020
   tgtttttttc tttgggcttt ttgcttcttt tttccccccc ttctcaccct cccttctccc 1080
   cgacccacc ccccaaaaaa gctacttctt cattccgtgg tacgattatt tttttaact 1140
   aaaggaagat aaattctat attcttaaaa
                                     1170

```

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 23:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1259 Basenpaare

40

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

55

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:23

```

5  ggagtatcca gataggcgac acgccggcgg gcggtgagg cgggaatggc tgctgtactg 60
   cagcgcgtcg agcggctgtc caatcgagtc gtgcgtgtgt tgggctgtaa cccgggtccc 120
   atgaccctcc aaggcaccaa cacctaccta gtggggaccg gccccaggag aatcctcatt 180
   gacactggag aaccagcaat tccagaatac atcagctgtt taaagcaggc tctaactgaa 240
   tttaacacag caatccagga aattgtagtg actcactggc accgagatca ttctggaggc 300
10 ataggagata tttgtaaaag catcaataat gacactacct attgcattaa aaaactccca 360
   cggaatcctc agagagaaga aattatagga aatggagagc aacaatatgt ttatctgaaa 420
   gatggagatg tgattaagac tgagggagcc actctaagag ttctatatac ccctggccac 480
   actgatgatc acatggctct actcttagaa gaggaaaatg ctatcttttc tggagattgc 540
   atcctagggg aaggaacaac ggtatttgaa gacctctatg attatatgaa ctctttaaaa 600
15 gagttattga aaatcaaagc tgatattata tatccaggac atggcccagt aattcataat 660
   gctgaagcta aaattcaaca atacatttct cacagaaata ttcgagagca gcaaattctt 720
   acattatttc gtgagaactt tgagaaatca tttacagtaa tggagcttgt aaaaattatt 780
   tacaagaata ctctgagaa tttacatgaa atggctaaac ataatctctt acttcatttg 840
   aaaaaactag aaaaagaagg aaaaatattt agcaacacag atcctgacaa gaaatggaaa 900
20 gctcatcttt agtttcagat taaagaaagc tttgttttat tttgctttga gagaatggta 960
   tgttttctta actataggtt attttataga gaatataaaa gtataaaaca ttaaaaaataa1020
   ccctagatat actttaaaat aatgttatat ttatgctaaa atatgtaaat tacactatac1080
   aaccatatga taggttattt ctctaacctt gtcttctaac gttttacca aaattcataa1140
   tctaatagtt tatcagtttt caatagatta aataaaatga ttactttaaa aataataaaa1200
25 tttatcta at taaagttga aaaaattttt ggccgttagt tatctattac tagtgatca 1259

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 24:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 30 (A) LÄNGE: 1021 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 40 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:
- 45 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 24

```

50 gcgttctctc tccggccctc ggtaaccgcc agcacgcgcc tgcttcccgt ctgcgcgagt 60
   ccacgcagct cccaggcccc ttcaccagca cagcagcagc aggcattggc gcaagcgtgg 120
   agcagcgcga gggcaccatc cagggtgcagg gccaggccct cttcttccga gaggccctgc 180
   ccggcagtg gacggctcgc ttctctgtac tgctgctgca tggatttcgc ttctcctccg 240
55 agacctggca gaacctgggt acactgcaca ggctggccca ggctggctac cgggctgtgg 300
   ccattgacct gccaggctcg gggcactcca aggaagcagc agcccctgcc cctattgggg 360
   agctggcccc tggcagcttc ctggcggtcg tgggtggatgc cttggagctg ggcccccccg 420

```

```

ttgtgatcag tccatcactg agtggcatgt actccctgcc ctteectcacg gccctggct 480
cccagctccc gggctttgtg ccagtggccc ccactctgcac tgacaaaatc aatgctgcca 540
actatgccag tgtgaagact ccagctctga ttgtatatgg agaccaggac cccatgggtc 600
agaccagctt tgagcacctg aagcagctgc ccaaccaccg ggtgctgatc atgaagggg 660
5 cggggcaccg ctgttacctg gacaaaccag aggagtggca tacagggtg ctggacttcc 720
tgacaggggt ccagtgaagc ccagcactgc tgcagggggt gggctgcctg cctgctctga 780
gctctctctt gcacgctctc tcttctctcc caggctctgg ctcatgcaca tgcaacagg 840
gcgtctgtct atatgtctgg gttcttgtct tttgtggtct gtttgtcttt tctacctct 900
tctcttgca tgatagactg agggggtaaa atcaagagga aaaaactctc aggaatcaag 960
10 gaacataatc ctgtggaggg taaaccatta catgaggctt ctcccgggtc gttcaagttt 1020
c
1021

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 25:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1407 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 25

```

agcaaaaggtt gccggagacc aagatcggaa gcgtgaaata cgaaggcatc gagttcattt 60
aactgaaaac cggctcaagg agcaaggcca tcaggactca gcttttataa aaacaagagg 120
agtgcacttt tgttttgttt tgttcttttt ggaactgtgc ctgggttggg ggtctggaca 180
40 gggagcccag tcccgggccc catagtgggt cgggcactgg acccccgggc cccacggag 240
ccgcgggtctg aactgcttcc catgctgcca tctggtgggt atttcgggtc cttcaggcat 300
tgactcaagg cctgcctaac tggctgggtc gtttcttcca tccgacctcg tttcttttct 360
ttcctatggt cttttgttca gtgaatatcc ctgagactcc taccatatgt caggccctat 420
gcctcaccct gagaacgcag tgggcatgag gtggacctgt ttgctgggaa cccagggtca 480
45 ccccttttcc ttctactct gtgctggag catcatgtcc acccctgcag atccttggaa 540
aagaaaatgt ttatgttgca gggatttga tggtcacgag tgagggcagg cccctgggga 600
cacatctgcc cacagctgca caggccaggg cgcaggcaca tctgttgggt ctcaggctc 660
agataaaacc atctccgat catatggcca gtgaccgtt tctcccttca agaaaattct 720
gtggctgtgc agtactttga agttttaatt attaacctgc ttttaattaaa gcagtttcct 780
50 ttcttataaa gtggaatcac caaatcttat cacacagagc acagtctgt agttaccag 840
ccgctccag cagtgcggga gattgtaagg aagcgggtgg ggctggtgaa gcaagtctca 900
catgtcggcg ttcttgcca atggatatac agataaagaa aatgttgctt ttttctagga 960
actgtcagaa atcctcatgc ctttcaagaa ttctgtgaat gacttgaatt ttttattccc 1020
tgcctagggt ctgtgaacga ggctgtctc ttccctgggg tttctttcca tggcctttat 1080
55 ttctcctctt ccagtgggag ttttgaggc tcttctctgt ggaaacttca cgagcgttgg 1140
ctgggcctcg gcttcgctgg agtgtactcc aggggtgaagg cagagtggga tttgagacct 1200
aggttaggca cgaccaggc tgagaaggga cgtttccatc attcacagt ccctccccac 1260

```

agcactacct cagcccgagc cccaccctca ctctacccc acccccgcat cgtcaggggt1320
gccacggtgg gccggagggt gccccgtogg ggcttggtcc tgttgccggg ccctgaaaaa1380
gcttttcccc ttttgaaatt caagcac 1407

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 26:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 10 (A) LÄNGE: 286 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

25 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 26

30 ctctcggtc cgcctggcag cagctccgcc gccagagggc gtccgagacc ctccgaactcg 60
tgggtacgca taggcctcgc cagcgagcct tgcccaggca acgagtcgcc agcccgcccc120
ctcgcccgcg gctaggtctc acctcgccac cagtacgtct tggacaagta gtgccaggtc180
tgatgccggg tgtggtgagt gccgccggga cccaggtgcg ccgcctcgat gaggtcccgg240
cgtcgctccg gctgcagcac cacctccagc tccgcgaagg tcttgc 286

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 27:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 40 (A) LÄNGE: 815 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 27

5
 cgcctcgttt gcaactgggtg ctggacagcc gacgcaacta caaatggggc ggagtttcgg 60
 cactggagca gctaatttgc atataaggaat gagctcccac aaacacgaga agttccagca120
 agttcgccac ttccggttct cctggctatc caatagcatc gaggaggagca tccccggaag180
 tgaggcagcg gaggacgacc tttttccggt tccggcctgg cgagagtttg tgcggcgaca240
 10 tgaaactgct tacccacaat ctgctgagct cgcagtgtgc gggggtgggg tcccggtggt300
 tccccctgcg cctccaggcc accgaggtcc gtatctgccc tgtggaattc aaccccaact360
 tcgtggcgcg tatgatacct aaagtggagt ggtcggcggt cctggaggcg gccgataact420
 tgcgtctgat ccagggtgccc aaagggccgg ttgagggata tgaggagaat gaggagtttc480
 tgaggacccat gcaccacctg ctgctggagg tggagtgat agagggcacc ctgcagtgcc540
 15 cggaatctgg acgtatgttc cccatcagcc gcgggatccc caacatgctg ctgagtgaag600
 aggaaactga gaggttgattg tgccaggcgc cagtttttct tggtatgact gtgtattttt660
 gttgatctat accctgtttc cgaattctgc cgtgtgtatc cccaaccctt gaccaatga720
 caccaaacac agtgtttttg agctcggtat tatatattt tttctcatta aaggttttaa780
 accaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaagt cgacg 815

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 28:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 548 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 28

45 tttctcgaa cttctctttt ctttctttt tgcactgtgc aaatatattg actttatttg 60
 tctcctttca ggagcctcac agacatatcc aggtaaaaag atcgttaaat aaatgccttc120
 agccatcgca atgcaaaaaa aaatatcaat cctccagacg cagtagcagc cgcgctgcgc180
 ccaaagtccc aacggccacg cctaacaatt ataaaagtgt tcagcgagag tgttggcgtg240
 agtgtgaatg ggtgtgcgct ggggggcacg gtggagcggg gtgcaaaatc ggagttgcaa300
 50 accatcggac aagggcatgg agtggctacc cgccgcccac tcagcgcggg cgcgctctccc360
 cgcacacact cacagcagag ttgcactgg gaagagttaa aaaataaaca ttacaagga420
 cgaggaaagc ggccccgctc ccggcgctcc cgggccaggg cgagcgcggc gagggcgca480
 ccgaccgggt cgagcgggg cgggagtcgg aagcgcgcca ggagcgggcg gtccccgggtc540
 cttgcggg 548

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 29:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 493 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

10

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

15

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 20 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 29

25 gcaagatggc tgcctgaca gggagattt tgcagcactc cagagcctgc tcaaggcctc 60
ctcgaaagat gttgtcagac agctgtgtca agaaagcttt tccagttcag cccttggtt120
gaaaaaactc ttgatgtta catgttccag cttgtctgtg acccaggagg aggcagagga180
actgtctccag gctctgcacc gcctcactag gctgggtggca ttccgtgacc tgcctctgc240
cgaggcaatt ctggctctct ttccagaaaa ttccaccaa aacctcaaaa acctgctgac300
aaagatcatc ctagaacatg tgtctacttg gagaaccgaa gcccaggcaa atcagatctc360
30 tctgccacgc ctggctgatc tggactggag agtggatata aaaacctcct cagacagcat420
cagccgcatg gccgttgccc cacctggcct gggtccagat ggaagggttc aaggagggttc480
ccaggctatg ggg 493

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 30:

35

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1063 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
40 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- 50 (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 30

5 cgctccccc tccaactctc aaccacttc tccagccagc gccccagccc tcccgcgcgc 60
cgctcgagg tcccaggag cgcagactgt gtccctgaca atgggaacag ccgacagtga 120
tgagatggcc ccggaggccc cacagcacac ccacatcgat gtgcacatcc accaggagtc 180
tgccctggcc aagctcctgc tcacctgtg ctctgcgtg cgccccggg ccaccaggc 240
caggggagc agccggctgc tgggtggctc gtgggtgatg cagatcgctg tgggatctt 300
10 gagtgcagtc ctaggaggat ttttctacat ccgcgactac accctcctcg tcacctcggg 360
agctgccatc tggacagggg ctgtggctgt gctggctgga gctgctgcct tcatttacga 420
gaaacgggg gtacatact gggccctgct gaggactctg ctacgcgtgg cagctttctc 480
cacagccatc gctgccctca aactttggaa tgaagatttc cgatatggct actcttatta 540
caacagtgc tgcgcgcatc ccagctcgag tgactggaac actccagccc ccactcagag 600
15 tccagaagaa gtcagaaggc tacacctatg tacctccttc atggacatgc tgaaggcctt 660
gttcagaacc cttcaggcca tgctcttggg tgtctggatt ctgctgcttc tggcatctct 720
ggccccctc tggctgtact gctggagaat gttcccaacc aaagggaaaa gagaccagaa 780
ggaaatgttg gaagtgagtg gaatctagcc atgcctctcc tgattattag tgcctgggtc 840
ttctgcaccg ggcgtccctg catctgactg ctggaagaag aaccagactg aggaaaagag 900
20 gctcttcaac agccccagtt atcctggccc catgaccgtg gccacagccc tgetccagca 960
gcacttgcgc attccttaca ccccttcccc atcctgctcc gcttcatgtc cctcctcgag 1020
tagtcatgtg ataataaact ctcatgttat tgttcccaaa aaa 1063

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 31:

25

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 472 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

30

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

40

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 31

cggtcgagg cggcgcgatg gcggcggggc tggcgcggct cctgttgctc ctgcggctct 60
cgcccgggcg gccgcgcgcg gcaggtgcag cgaagatgaa ggtgggtggag gagcccaacg 120
50 cgtttggggg gaacaaccgc ttcttgctc aggccagtgc cctccaggcc aagaggatc 180
cttaccgcgt gtctggaccg gtgcactctc tccgactctc gggcaagtgc ttcagcctgg 240
tggagtccac gtacaagtat gagttctgcc cgttccacaa cgtgaccag cacgacaga 300
ccttccgctg gaacgcctac agtgggatcc tcggcatctg gcacgagtgg gagatcgcca 360
acaacacctt cacgggcatg tggatgaggg acgggtgacga ctgccgttcc cggagccggc 420
55 agagcaaggt ggagctggcg tgtgcgagcc cgagcaactg cgtctaaggg gt 472

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 32:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2568 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 32

```

25  catctctctg cagtgccttc ctgcctgtg cagcccgccg acccacaggc tcacccctcc 60
    tgcgggctgc cagaagcccc ctccagcagg gcctctctcc gtggccccag cttcactctc 120
    tccctcagca catgccctgc tggaggcccc agccctccgt ggacagcagg ggccacgtgg 180
    agcccgggcc gctcaccgac gaccagtgct tggccgcctt cttggtgcca aaccccttc 240
    ccccaccag agactgggca gctgtgtctg gttcgttctt tgcactaacc acatttgtca 300
30  tctctagggc aggttgggac tgcgggtga gggggaccgc tggcaccccc ctccctctcc 360
    ttcttggttc cttttccatc catgacaggt acagcatccc aggagcccg cctgaggggc 420
    tggacccgag ccggctgtga acatccctca gcccctgctg tcccccttg ggactaacca 480
    ctaacctcac ccccaaactc cacgggtgcc cctagctggc ccagagccgg cagtgtgagc 540
    ccaagtccgg gctggagccg aggcgggagc agctgtctgg gactcaaggc tgcagtagcg 600
35  tttcttcatt ggggtgtcca ggggttgcca cagaccgaca ggcagcccaa gggcctggac 660
    accctcccc aggcaggtgc tgcaccagga ggactgtcct cgggaatgaa cctcccgccg 720
    gctttggact gaggtccctg tggcctcggt ctctcccca tgaagtggga gcgaggctcc 780
    ccaatggtgc ttttggtttt agtgtacgat gtttgetgtg ctcccgccg tggagggcag 840
    agccacccca catcaggatc ggacgtgcta cccctcccg tcccgccct ggccagcca 900
40  gccagccct cgaggctcga tgctgtgccc aaggccaggg gcagccagag ggcagctgga 960
    tggccacgtg caggggtcaa ggctgggccc tgacgtgggg cgggcccga gcccagcag 1020
    tttacagacg catggtctct cctccagag cagccggcag ctacctggac cggaaatgtc 1080
    ctcatccct ccctggggcc aggtctgtcc ctggccttcc tctgtgaacc cctcctttct 1140
    ttgtgctggt gctggggacc aaaaaggggg aatatgggag ggcagagtgg ggaggggagt 1200
45  ccatgggctt ggggccccaa gccggggcgt ctgagctccc caggcatgac caaacctcag 1260
    tggaggggct tctgcttcag gcccgccctg gctgacattc tgagccccc tcggaggccc 1320
    cgccacagcc aacctgcccc gtctttcttc tgggcttgac ccgccaggga gttctccagg 1380
    cctaggggca ggagagaggc cctggcacc tggcgtgggt gcccgccaaa cgccctgcga 1440
    ccgctcagaa gcacaaatgc tgtccatggc cgtgaggctg cctgccaggt gaatggacat 1500
50  agcgtgagag gcggtgaggc cagggtcttc agcctcgtgc tgtctcgga ctcctgaccg 1560
    tgggtgtgct gttgtgccgt ctgtgacttt ctactacca aggttgaaga aaggaaacgg 1620
    ggaaatcaa aagggttca aacccacct cagtaggtgg aggggagcgc ctgccattgg 1680
    ttgtattttt gttctgagtt ttcggtgccg tgttctaac tactccatc catgacctcg 1740
    ccacacctac tggggcatct ggctgggtgc tgctgccatg gccagcccc actctcacc 1800
55  tgcacagggg gtcttgagc cccagggccc acagcctcgt tgggaggaca ggggtggcct 1860
    ggggacaaga gggaggagcc caggggctta cctcactgag agtgctcccc agcaggcac 1920
    cactacccca gggcccccca catgtcatgg caaggttgg agtgaatgg cctgggttgg 1980
    agcagccctt ggccattgac ccaccaccc atctcactat gcaattcgag ttccaagcaa 2040

```

catttgctcc tgccttgggg ccagctctgc ccagccctg agaggggtgg tgaggcagcc2100
 ccctggaccc cagaacccca gacaaggggg caggcggggg accagggcct ctccctgtggg2160
 atctttgttt tgtgtttaac cataatggtt gtgtactgaa ccacttcata ttgtttatat2220
 5 ataatatata tatatataat ctcccttaaga ctccagctcc tggtttacc cccggcctg2280
 ggcacatgac ctccccacc ccagtgtgat ttaacatcca ggaactgagg cctgaaccat2340
 tttgcatttc cccctctctc agcctctgta gggccatggc tgtatgtact gtcgctgtgt2400
 ttttttgttt ttttagaact gggtttgggg gctgattttt atttctttgg gggctttttt2460
 tcttggcaaa tactaaaaat ctctgcaatg taatttctgt ggtttctatt cagcttgggt2520
 10 ttcattgtttt aaaataaatt ttaaaaagca aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 2568

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 33:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 15 (A) LÄNGE: 239 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 20 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

30 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 33

35 cgcgatggcg gcggggctgg cgcggetcct gttgetctc gggctctcgg ccggcgggcc 60
 cgcgccggca ggtgcagcga agatgaaggt ggtggaggag cccaacgcgt ttgggtgagc120
 agcctcgcgg gctggcggct cgagcggggg acggcccggg ccggttcccc gctgaccttg180
 ccgcttcccc taggtggaac aaccggttct tgcctcaggc cagtcgcctc caggccaag 239

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 34:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 45 (A) LÄNGE: 482 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

5 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 34

10 ctccaagctt ggccctggcca acaactcggtt ggcagaatga tcacctccgt tgtttcaggt 60
 actctgtgtt tatttatgca acagttcatg taaaatggag acgaggccag aagaatcctt120
 gagcagacag agccagtttg gcctcctaag tgaccttaac cttgcttgat ttgcaagcat180
 gtctgaaact ttatttgttg tatttcttgt aaatgcctat gttaaagaaa cacagaactt240
 aagctcaacc aatcagaagc agccaacaaa aacgtaatta gtaactagga cttcctcatg300
 15 ggatagacca aataaggcaa ctgtataact gtgtaactgt ataactgtaa ccaatgaaat360
 attatctttg cttttatcta ttgttcctaa aaagcctcct cctcatgttc tctctgggga420
 gctccctagc cacttctgga tcactgtcca aataaactct taaatatttt aaaaaaaaaa480
 aa 482

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 35:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 641 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

25 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

40 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 35

45 gagagcagta ggtgttagca gcttggtcgc gacagggcg ctaggtagag cgccgggacc 60
 tgtgacaggg ctggtagcag cgcagaggaa aggcggcttt tagccaggta ttccagtgtc120
 tgtagacaag atggaatcat ctccatttaa tagacggcaa tggacctcac tatcattgag180
 ggtaacagcc aaagaacttt ctcttgctca caagaacaag tcatcggcta ttgtggaaat240
 attctccaag taccagaaaag cagctgaaga acaaacatg gagaagaaga gaagtaacac300
 cgaaaatctc tccagcact ttagaaagg gaccctgact gtgttaaaga agaagtggga360
 50 gaaccaggg ctgggagcag agtctcacac agactctcta cggaacagca gcactgagat420
 taggcacaga gcagaccatc ctctgtctga agtgacaagc cacgctgctt ctggagccaa480
 agctgaccaa gaagaacaaa tccacccag atctagactc aggtcacctc ctgaagccct540
 cggtcagggc cgatatcccc acatcaagga cggtaggat cttaaagacc actcaacaga600
 aagtaaaaa atggaaaatt gtctaggaga atccaggcac g 641

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 36:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 381 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- 15 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

- 20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 36

25 aagttgatga cctacgctct tacttctgct tgccaggagt aactgaaagc aaacaccaca 60
gtctgttggt tattagcttt taaaggcttg tcaacattcc ttgttaacaa tttctttttg120
ggtagccttt tataaaatgc gtaggtgatg agtgatccag cagacaaggc ggctcgagcc180
gatcggtc gagcggctcg aggtaaaaga aaaaaaatg tggaggaaaa catggcctac240
tcagctttga tggagtggtc tggttactgc ttaatagaga gaatgcttg gaatcctatg300
30 ttgaaaataa aaagtgttg gttgtgcagt tatgcggtca tggtcattcc cagacagttg360
gctaagggtt agtggtcctc t 381

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 37:

- 35 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1539 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- 50 (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 37

5 cttggggacag gaagcccttg taccattatg gtcggggcat gaatcccgct gacaaaccag 60
 cctggggccc agaggtaaaa gagagaacaa ggatgaacaa gcagcagaac tctcccttgg 120
 ccaagagcaa gccaggcagc acggggcctg agccccccag cccccaggcc tccccagggc 180
 ccccaggcct cccctgggccc cccaaaccct accacaaatt catggccttc aagtcctttg 240
 ccgacctccc ccaccgccct ctgctggtcg acctgacagt agaggagggg cagcggctca 300
 aggtcatcta tggctccagt gctggcttcc atgctgtgga tgtcgactcg gggaaacagt 360
 10 atgacatcta catccctgtg cacatccaga gccagatcac gccccatgcc atcatcttcc 420
 tccccaacac cgacggcatg gagatgctgc tgtgctacga ggacgagggt gtctacgtca 480
 acacgtacgg gcgcatcatt aaggatgtgg tgcctgacgt gggggagatg cctacttctg 540
 tggcctacat ctgctccaac cagataatgg gctgggggtga gaaagccatt gagatccgct 600
 ctgtggagac gggccacctc gacggggtct tcatgcacaa acgagctcag aggctcaagt 660
 15 tctgtgtgta gcggaatgac aaggtgtttt ttgcctcagt ccgctctggg ggcagcagcc 720
 aagtttactt catgactctg aaccgtaact gcacatgaa ctggtgacgg ggccctgggc 780
 ttgggctgtc ccacactgga cccagctctc cccctgcagc caggcttccc gggccgcccc 840
 tctttccccc ccttgggctt ttgcttttac tggtttgatt tcaactggagc ctgctgggaa 900
 cgtgacctct gaccctgat gcttctgtga tcacgtgacc atcctcttcc ccaacatgtc 960
 20 ctcttcccaa aactgtgctt gtcccagctt tctggggagg gacacagctt ccccttccca1020
 ggaattgagt gggcctagcc cctccccccc tttctccatt tgagaggaga gtgctgggg1080
 cttgaacccc ttacccact gctgctgact gggcagggcc ctggaccctt ttatttgcac1140
 gtcaggggag ccggtcccc ccttgaatgt accagacctt ggggggggtc actgggccct1200
 agatttttgg ggggtcacca gccactccag gggcagggac catttcttca tttctgaaal260
 25 gcactttaat gattccccctg ccccaaaact ccagggaatg gaggggggag cccgccagcc1320
 aaaacatgcc ccccatctcg gacccccctc tctcttctta gcccatgccc ttccccgggt1380
 gagggaggga gcagggagcc ctcaactctc acgccccttg cttgcatccg catatagtgt1440
 gagcagcaag taacccttct cctccttccc cagtcacccc tcctcaatgt agtggccttg1500
 aattgtcttt attaacaaac aggatatcca aggtcgagc 1539

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 38:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 35 (A) LÄNGE: 2195 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- 45 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 50 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 38

55 gctccgagga aggcctgtgg gagtctcgga gacgtgtctg tctgtgaggg gctgggtgca 60
 cgtccccagg gctctgggct aggaaggcag cggcgagggt cctccccacg taccctcgc 120
 gggcccagcc gagcaacgtg gggcgaaggc ggcggcgaag gcccgggctg ggagcgttgg 180


```

cgcccgaggat cccagccatg gccgaggtctg tggagcgccct gcagcagcgg gtccaggagc 240
tggagcggga acttgcccag gagaggagtc tgcaggtccc gaggagcggc gacggagggg 300
gcccgggggt ccgcatcgag aagatgagct cagaggtggg ggattcgaat ccctacagcc 360
gcttgatggc attgaaacga atgggaattg taagcgacta tgagaaaatc cgtacctttg 420
5 cctagcaat agtaggtgtt ggtggagtag gtagtgtgac tgctgaaatg ctgacaagat 480
gtggcattgg taagttgcta ctctttgatt atgacaagg ggaactagcc aatatgaata 540
gacttttctt ccaacctcat caagcaggat taagttaaagt tcaagcagca gaacatactc 600
tgaggaacat taatcctgat gttctttttg aagtacacaa ctataatata accacagtgg 660
aaaactttca acatttcatg gatagaataa gtaatggtgg gttagaagaa ggaaaacctg 720
10 ttgatctagt tcttagctgt gtggacaatt ttgaaagctcg aatgacaata aatacagctt 780
gtaatgaact tggacaaaca tggatggaat ctggggtcag tgaatatgca gtttcagggc 840
atatacagct tataattcct ggagaatctg ctgtttttgc gtgtgtctca ccacttgtag 900
ttgtgtcaaa tattgatgaa aagactctga aacgagaagg tgtttgtgca gccagtcttc 960
ctaccactat ggggtgtggt gctgggactc tagtacaata cgtgttaaag tttctgttaa1020
15 attttggtag tgtagtttt taccttggat acaatgcaat gcaggatttt ttctactact1080
tgtccatgaa gccaaatcct cagtgtgat acagaaattg caggaagcag caggaggaat1140
ataagaaaaa ggtagcagca ctgcctaaac aagagggttat acaagaagag gaagagataa1200
tccatgaaga taatgaatgg ggtattgagc tggatatctga ggtttcagaa gaggaactga1260
aaaatttttc aggtccagtt ccagacttac ctgaaggaat tacagtggca tacacaattc1320
20 caaaaaagca agaagattct gtacttgagt taacagtgga agattctggt gaaagcttgg1380
aagacctcat ggccaaaatg aagaatatgt agataatgga ctgggatata ttgtatttct1440
catgttaaag cctcttcctt tgaaattaaa aaaaaatttt aactgataaa acttagggca1500
acattaatta atgtatatct ttacctgaat tgttatactt tttgaaaatc ctgtgacttg1560
cctgtttctc ccgcctccaa cgaaatcatt aactctccta aaatgtgttt cattctagta1620
25 agaaaacctc aaaggatatt gtaggatata aatcttactt gaaaacatag ctgttgaaat1680
gttttggcct tttggagtg ggaaggaca aatctgatcc tgtaatcttt ttctttccag1740
taatcccttg tgtctgttgc atgaggacat ggacaataaa gtagtatatg atcctcagat1800
acaggagaaa ggacaaggca tacagcttat tgattagagc tggcaagcat ctgctcattal860
tgtttggaaat tgctttctat aagaaaattg cccactacta ctaacttgat caacaatgaa1920
30 ttcaaaatag ttaacctatg aaataacatc ctctcaaag tttgctgatg aagtacaagt1980
tgaaatgtag ttattgaaa agtctgtaac ctgtggatca tatatttca aagtgaagaca2040
aaggcaataa aaaagcagct attttcatga atagaaaaaa aaaaaatttc aggaagtata2100
aatttatattc tgcaccgaac aaggaacaga aattattgca tctgtggaag catatatctg2160
ggagttacta ttactttact ggaagggcca agggc 2195

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 39:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 40 (A) LÄNGE: 1409 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 45 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

55 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 39

```

5  ttttgctgtc cttttttaaa ggattccaag ccatgtgaaa ttcccttctg gatgtgattc 60
   tgggtcgcaa gtccttattt atatgtgagg ctggggaatg ggctgggggt attggcagtc 120
   cttttgcagg gcagtgtgtg tgggtgggtg acaccgctgt ggcttagccc aagacactcc 180
   cagaggaaaa cactgcagaa ggaactggtt tgcagactgt ggaaggatct gcagttttgt 240
   ttttgaccaa aaaaataata ataagtttagc tctgaagggc agagggaata cccaagcccc 300
   tgatgcctat gagaagtccc tggacttcaa ccctcctgtt gtttgccctt agcccagagg 360
   gagctgctca cctgagcacc cttgggggtg ggcagagagg cagggtggga ttttagagtt 420
10 agtgtctgtg cgggggcagc cctgagcctg gagttgagac ttgggggtct cttagtttgg 480
   aggtgttgag tgcatttgtg cccctgctg gttgagagct tcttggtacc tcttgccacc 540
   ccttctcact gccctgaccc aacccactg gaccttgatg ctgagaggag tgggtgcctg 600
   acggactcag cactcccgc tgatgtattg gatcatagga gagcacttgc tctcctgctt 660
   ctgccaggag agggcttgtt cctccaactc taggaggcca ggcaagcatg gacaggagcc 720
15 aaggggagcag ggtcattaac tttttcttct ttgcaaagtg ggcacttggc atcagggtcc 780
   caatcaccag aaagcaccaa agccctggc accccaccca ctccatccta cccagggacc 840
   ccaagtaggc aactgttatg gcagtgggtc cagcccaggc cagcactgcc agcctcctct 900
   ccttgacgta ggcaccagct ctacctccc cggcaggcaa tgcctggct tctcagccca 960
   gcaccatctg ttccctaga cttctcaggg gccagcccag tctgggccac cctttgtttc1020
20 cctcatcctc ggctcccaca caggtgacag acccagcaga tagcttctct ctgggaaagg1080
   ttggatgctg ccttacatcc ccttctagcc ctccctccat ccacacacac aggcacccac1140
   ccacaccagg tcggcttgtt tctcacatgt agggagagag gggagaccaa cccctttgtg1200
   tcttttgaat tacgaagaaa aatgtgtgtt caggagcatg actccagtgc tgcgtctctg1260
   ggcttagttc agtctgtctt gtctcaaatc taggcatttt tgcttcaatt ttattttttt1320
25 taaaacattt ttttggtgtt cccgttggtt ttggaataat ttggctaaca ttggtaaaag1380
   gtaagggggt taaaataata ggtaatttt
                                     1409

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 40:

- 30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 1084 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

- 40 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 40

```

55 ggaatcttta agcaatcata cggggaaaaa gggcccatca ccttcaaagg agccacaatt 60
   agactcctca acagacatga ttgaggctgg aagataaggg aatggtatct tcttcaaagc 120
   cgaaagaata ggaccacacc tgccaggatt tgggtgttta aatataaatc tgatcacccc 180
   cctgcttaga acccttctgc tttctattac ccctcattha aaatgtaaac tcttcacctt 240
   ggtttatgag aactggttct tgccttcccc ttgaacctca ttaaagtgtg atttcttgct 300
   aagctccagc ccgagtggtc tcctctcage ttctaatttt gtgctctttc ctgccccttt 360

```

cctgggcctt ctcagctctc cacccccacc actcttgact caggtgggtgt ccttcttccct 420
 caagtcttga caattcccgg gcccttcagt ccctgagcag tctacttctg tgtctgtcac 480
 cacatcttgt cttttcccct cattgcattt attgcagttt atatatatgc tacttttact 540
 tgttcatttc tgtctcccct accaggctgt aaatgagggc agaaaccttg tttgttttat 600
 5 tcaccatcat gtaccaagtg cttggcacat agtgggcctt cattaaatgt ttgttgaata 660
 aaagagggaa gaaggcaagc caaccttagc tacaatccta ccttttgata aaatgttcct 720
 tttgacaata tacacggatt attatttgta ctttgttttt ccatgtgttt tgcttttacc 780
 cactggcatt ttttagctct tgaagacata tcatgtgtga gataacttcc ttcacatctc 840
 ccatggctcc tagcaaaatg ctaggcctgt agtagtcaag gtgctcaata aatatttggt 900
 10 tgggtgggtt gtgagccttg ctgccaaagc ctgaccttgg gtcgacatag tatggaagta 960
 tttgagagag agaacctttc cactcccact gccaggattt tgtattgcca tcgggtgccal1020
 aataaatgct catattttatt aaacaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa1080
 aaaa 1084

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 41:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2860 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 20 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

25 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

30 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 35 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 41

tcctggctga ttcttttccct ggcagttccc cttatgaggg ttacaactat ggctcctttg 60
 40 agaattgtttc tggatctacc gatggtctgg ttgacagcgc tggcactggg gacctctctg 120
 acggttacca ggcccgctcc tttgaaccgg taggtactcg gccccgagtg gactccatga 180
 gctctgtgga ggaggatgac tacgacacat tgaccgacat cgattccgac aagaatgtca 240
 ttgcgaccaa gcaataacctc tatgtggctg acctggcacg gaaggacaag cgtgttctgc 300
 ggaaaaagta ccagatctac ttctggaaca ttgccaccat tgcgtctctc tatgcccttc 360
 45 ctgtgggtgca gctgggtgac acctaccaga cgggtgggtgaa tgtcacaggg aatcaggaca 420
 tctgctacta caacttcttc tgcgccacc cactgggcaa tctcagcgcc ttcaacaaca 480
 tcctcagcaa cctgggggtac atcctgctgg ggctgctttt cctgctcacc atcctgcaac 540
 gggagatcaa ccacaaccgg gccctgctgc gcaatgacct ctgtgccctg gaatgtggga 600
 tccccaaaca ctttgggctt ttctacgcca tgggcacagc cctgatgatg gaggggctgc 660
 50 tcagtgtctg cgatcatgtg tgcccccaat ataccaattt ccagtttgac acatcgttca 720
 tgtacatgat gcgccgactc tgcatgctga agctctacca gaagcggcac cgggacatca 780
 acgccagcgc ctacagtgcc tacgcctgcc tggccattgt catcttcttc tctgtgctg 840
 gcgtgggtctt tggcaaaggg aacacggcgt tctggatcgt cttctccatc attcacatca 900
 tcgccaccct gctcctcagc acgcagctct attacatggg ccggtggaaa ctggactcgg 960
 55 ggatcttccg ccgcatctc cactgctct acacagactg catccggcag tgcagcgggc1020
 cgctctacgt ggaccgcatg gtgctgctgg tcatgggcaa cgtcatcaac tggctcgtgg1080
 ctgcctatgg gcttatcatg cgcaccaatg atttcgcttc ctacttggtg gccattggcal1140

```

tctgcaacct gctcctttac ttcgccttct acatcatcat gaagctccgg agtggggaga1200
ggatcaagct catccccctg ctctgcacgt tttgcacctc cgtgggtctgg ggcttcgcgc1260
tcttcttctt ctccagggga ctcagcacct ggagaaaaac cctgcagag tcgaggagc1320
acaaccggga ctgcatectc ctgcacttct ttgacgacca cgacatctgg cacttcctct1380
5 cctccatcgc catgttcggg tcttctctgg tgttgctgac actggatgac gacctggata1440
ctgtgcagcg ggacaagatc tatgtcttct agcaggagct gggcccttcg cttcacctca1500
aggggcccctg agctcctttg tgtcatagac cggtcactct gtcgtgctgt ggggatgagt1560
cccagcaccg ctgccagca ctggatggca gcaggacagc caggctctagc ttaggcttgg1620
cctgggacag ccatggggtg gcatggaacc ttgcagctgc cctctgccga ggagcaggcc1680
10 tgcctcccctg ggacccccag atgttgcca aattgctgct tcttctcag tgttggggcc1740
ttccatgggc cctgtcctt tggctctcca tttgtccctt tgcaagagga aggatggaag1800
ggacaccctc cccatttcat gccttgcat ttgccgtcc tctcccccac aatgccccag1860
cctgggacct aaggcctctt tttcctcca tactccact ccagggccta gtctggggcc1920
tgaatctctg tctgtatca gggccccagt tctctttggg ctgtccctgg ctgccatcac1980
15 tgcccattcc agtcagccag gatggatggg ggtatgagat tttgggggtt ggccagctgg2040
tgccagactt ttggtgctaa ggcctgcaag gggcctgggg cagtgcgtat tctcttccct2100
ctgacctgtg ctgaggctg gctctttagc aatgcgctca gcccaatttg agaaccgct2160
tctgattcaa gaggctgaat tcagaggta cctcttcac ccatcagctc ccagactgat2220
gccagacca ggactggagg gagaagcgc tcacccctc ccttccctt tccaggccc2280
20 ttagtcttgc caaacccag ctggtggcct ttcagtgcc ttgacactgc ccaagaatgt2340
ccaggggcaa aggagggatg atacagagt cagcccgctc tgccctcata gctgtgggca2400
cccagtgcc taccttagaa aggggcttca ggaagggatg tgctgtttcc ctctacgtgc2460
ccagtcttag cctcgctcta ggaccaggg ctggcttcta agtttccgtc cagtcttcag2520
gcaagttctg tgtagtcat gcacacacat acctatgaaa ccttggagtt tacaagaat2580
25 tgcccagct ctgggcacc tggccaccct ggtccttggg tccccttcgt cccacctggt2640
ccacccagga tgctgaggat gggggagctc aggcggggcc tctgctttgg ggatgggaat2700
gtgtttttct cccaaacttg tttttatagc tctgcttgaa gggctgggag atgagggtgg2760
tctggatctt ttctcagagc gtctccatgc tatggttgca tttccgttt ctatgaatga2820
atctgcattc aataacaac cagactcaga taaaaaaaaa 2860
30

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 42:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 35 (A) LÄNGE: 2137 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

50 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 42

```

55 gtcgcttttc gtctccgtcc tgetgccgtt accgccgctg ctgccgccgc ttgcgtcccc 60
cgctccggtc tgtggtgcag ccgggaccca ggaccatgtc tctgtctcgc tcagaggaga 120
tgcaccggct caggaaaaat gtctataaga ccatcatgga gcagttcaac cctagcctcc 180

```

ggaacttcat cgccatgggg aagaattacg agaaggcact ggcaggtgtg acgtatgcag 240
 ccaaaggcta ctttgacgcc ctggtgaaga tgggggagct ggccagcgag agccagggtc 300
 ccaaagaact cggagacgtt ctcttccaga tggctgaagt ccacaggcag atccagaatc 360
 agctggaaga aatgctgaag tcttttcaca acgagctgct tacgcagctg gagcagaagg 420
 5 tggagctgga ctccaggat ctgagtgtct cgctgaagaa ataccagact gagcaaagga 480
 gcaaaggcga cgccctggac aagtgtcagg ctgagctgaa gaagcttcgg aagaagagcc 540
 agggcagcaa gaatcctcag aagtactcgg acaaggagct gcagtacatc gacgccatca 600
 gcaacaagca gggcgagctg gagaattacg tgtccgacgg ctacaagacc gactgacag 660
 aggagcgag ggcgttctgc ttctgtgtgg agaagcagtg cgccgtggcc aagaactccg 720
 10 cggcctacca ctccaagggc aaggagctgc tggcgagaa gctgcccgtg tggcaacagg 780
 cctgtgccga ccccagcaag atcccgagc gcgcggtgca gctcatgcag cagggtggcca 840
 gcaacggcgc caccctcccc agcgcctgtt cgccctccaa gtccaacctg gtcatttccg 900
 accccattcc gggggccaag ccctgtccgg tgccccccga gctggcaccg ttcgtggggc 960
 ggtgtctgc ccaggagagc acacccatca tgaacggcgt cacaggcccc gatggcgagg 1020
 15 actacagccc ttgggtgac cgcaaggctc ccagcccaa atccctgtct cctccgcagt 1080
 ctcaagagca gctcagcgac tctactcca acacactccc cgtgcgcaag agcgtgaccc 1140
 caaaaaacag ctatgccacc accgagaaca agactctgcc tcgctcgagc tccatggcag 1200
 ccggcctgga gcgcaatggc cgtatgcccg tgaaggccat cttctcccac gctgctgggg 1260
 acaacagcac cctcctgagc ttcaaggagg gtgacctcat taccctgctg gtgcctgagg 1320
 20 ccgcgatgg ctggcactac ggagagagtg agaagaccaa gatgcggggc tggtttccct 1380
 tctcctacac ccgggtcttg gacagcgatg gcagtgcag gctgcacatg agcctgcagc 1440
 aagggaagag cagcagcacg ggcaacctcc tggacaagga cgacctggcc atcccacccc 1500
 ccgattacgg cgccgcctcc cgggccttcc ccgcccagac ggccagcgcc ttcaagcaga 1560
 ggccctacag tgtggccgtg ccgccttctt cccagggcct ggatgactat ggagcgcggt 1620
 25 ccctgtgccc acgtccagct gaagccgaca gtgaccaacg acaggtctgc cccctcctc 1740
 agctgatggc cacatctgca gtgctgcccc tctggtggct tcccccgccc tcccatgta 1800
 gcctgttctg tcatcatctg tgcttctctg ttagagaaac atccaggccc cggctgctg 1860
 gtcttgcccc acttgagtct ggcttgact ggatcccagc tgttctaggc agggccgggc 1920
 30 agagtggggc gcaggccct gaagggcgag acccagtggt tgggctgccc agggctgagg 1980
 ggccgcctct tgaggggtaca cgctctgtgt cacatggcca tggagccttg ggtaccctg 2040
 agttaaggga ggacatttg ccagctgtgt gctgggagg gagcctggct gcctgctgc 2100
 ttctcctgcc taataaacag gcttctctg caaaaaa 2137

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 43:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2410 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 40 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

45 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 55 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 43

```

5  ttgagcagac acaggtgcag gcagtgggtga ctctacagge cctgctattc cgggcccttt 60
   tgcaacgttg tggcaacaat aaaattttga cgtagccatc ctccatttgg aagtctgggtg 120
   gctgggtttgc cgtggaaatg accctgtttt tatttccaga attacctctg ggttttagaga 180
   agtgggtttt aaacagagtgt gggtaaaaaa aattacctga ggtacttgtc agagtgcag 240
   acttctaggt cccaccacag tctcatcaat cagtttagtg aggggtgtgc ccaggactct 300
   gattttaaac atacccttag aaagattctg atacaggtag aggtgagaag ccctggttta 360
   gaggcagctc ggcctccctt catggtggga ccagggccag cagggaatgt cagggccacc 420
   cctgaccttc actgtgactt ctggcttgca aggggtggcc cgggaggaga tgggtggagg 480
10 agctcaacag cgggaaggtg atgtacgcct tctgcagagt gaaggacccc aactctggac 540
   tgcccaaatt tgtctcatc aactggacag gcgagggcgt gaacgatgtg cgggaaggag 600
   cctgtgccag ccacgtcagc accatggcca gcttcctgaa gggggcccat gtgaccatca 660
   acgcacgggc cgaggaggat gtggagcctg agtgcacat ggagaaggtg gccaaaggctt 720
   caggtgccaa ctacagcttt cacaaggaga gtggccgctt ccaggacgtg ggaccccagg 780
15 cccagtgagg ctctgtgtac cagaagacca atgccgtgtc tgagattaaa aggggttggt 840
   aagacagctt ctgggccaaa gcagagaagg aggaggagaa ccgtcggctg gaggaaaagc 900
   ggcggggcca ggaggcacag cggcagtgga gcaggagcgc cgggagcgtg agtgcgtgag 960
   gctgcacgcc gggagcagcg ctatcaggag cagggtggcg aggccagccc ccagaggacg1020
   tgggagcagc agcaagaagt ggtttcaagg aaccgaaatg agcaggagtc tgccgtgcac1080
   ccgagggaga ttttcaagca gaaggagagg gccatgtcca ccacctccat ctccagtcct1140
   cagcctggca agctgaggag ccccttcctg cagaagcagc tcacccaacc agagaccac1200
   tttggcagag agccagctgc tgccatctca aggccaggg cagatctccc tgctgaggag1260
   ccggcgccca gcaactcctc atgtctggtg caggcagaag aggaggctgt gtatgaggaa1320
   cctccagagc aggagacctt ctacgagcag cccccactgg tgcagcagca aggtgctggc1380
25 tctgagcaca ttgaccacca cattcagggc caggggctca gtgggcaagg gctctgtgcc1440
   cgtgccctgt acgactacca ggcagccgac gacacagaga tctcctttga ccccgagaac1500
   ctcatcacgg gcacgcaggt gatcgacgaa ggctgggtggc gtggctatgg gccggatggc1560
   cattttgcca tgttccctgc caactacgtg gagctcattg agtgaggctg agggcacatc1620
   ttgcccttcc cctctcagac atggcttcct tattgctgga agaggaggcc tgggagttga1680
30 cattcagcac tcttccagga ataggacccc cagtgaggat gaggcctcag ggctccctcc1740
   ggcttggcag actcagcctg tcaccccaaa tgcagcaatg gcctggtgat tcccacacat1800
   ccttcctgca tcccccgacc ctcccagaca gcttggctct tgcccctgac aggatactga1860
   gccaaagccct gcctgtggcc aagccctgag tggccactgc caagctgcgg ggaagggtcc1920
   tgagcagggg catctgggag gctctggctg ccttctgcat ttatttgctt ttttctttt1980
35 tctcttgctt ctaaggggtg gtggccacca ctgttttaga tgacccttgg gaacagtga2040
   cgtagagaat tgtttttagc agagtttgtg accaaagtca gagtggatca tgggtggttg2100
   gcagcagggg atttgtcttg ttggagcctg ctctgtgctc cccactccat ttctctgtcc2160
   ctctgcctgg gctatgggaa gtggggatgc agatggccaa gctcccaccc tgggtattca2220
   aaaacggcag acacaacatg ttctccacg cggtcactc gatgcctgca ggccccagtg2280
40 tgtgcctcaa ctgattctga cttcaggaaa agtaacacag agtggccttg gcctgtgtgc2340
   ttcccttatt ttctgtccca gctcatccgt gtctctgaag aacaaatatg cttttggacc2400
   aaaaaaaaaa

```

2410

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 44:

45

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2333 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

50

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

55

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

5 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 44

```

10  tgaaaaatgc ggacagtata ttcagaaagg ctattccaag ctcaagatat ataattgtga 60
    actagaaaaat gtagcagaat ttgagggcct gacagacttc tcagatacgt tcaagttgtga 120
    ccgaggcaag tcggatgaaa atgaagatcc ttctgtggtt ggagagttaa agggctcctt 180
    tcggatctac cctctgccgg atgaccccag cgtgccagcc cctcccagac agtttcggga 240
    attacctgac agcgtccac aggaatgcac ggtaggatt tacattgttc gaggcttaga 300
    gctccagccc caggacaaca atggcctgtg tgacccttac ataaaaataa cactgggcaa 360
15  aaaagtcatt gaagaccgag atcactacat tcccaacact ctcaaccag tctttggcag 420
    gatgtacgaa ctgagctgct acttacctca agaaaaagac ctgaaaattt ctgtctatga 480
    ttatgacacc tttaccggg atgaaaaagt aggagaaaca attattgatc tggaaaaccg 540
    attcctttcc cgctttgggt cccactgcgg cataccagag gagtactgtg tttctggagt 600
    caatacctgg cgagatcaac tgagaccac acagctgctt caaaatgtcg ccagattcaa 660
20  aggcttccca caaccatcc tttccgaaga tgggagtaga atcagatatg gaggacgaga 720
    ctacagcttg gatgaatttg aagccaaca aatcctgcac cagcacctcg gggccctga 780
    agagcggctt gctcttcaca tcctcaggac tcaggggctg gtccctgagc acgtggaaac 840
    aaggactttg cacagcacct tccagcccaa catttcccag ggaaaacttc agatgtgggt 900
    ggatgttttc cccaagagtt tggggccacc aggccctcct ttcaacatca caccocgga 960
25  agccaagaaa tactacctgc gtgtgatcat ctggaacacc aaggacgtta tcttggacga1020
    gaaaagcatc acaggagagg aaatgagtga catctacgtc aaaggctgga ttcctggca1080
    tgaagaaaac aaacagaaaa cagatgtcca ttacagatct ttggatggtg aagggaattt1140
    taactggcga tttgttttcc cgtttgacta ctttccagcc gaacaactct gtatcgttgc1200
    gaaaaaagag catttctgga gtattgacca aacggaattt cgaatcccac ccaggctgat1260
30  cattcagata tgggacaatg acaagttttc tctggatgac tacttgggtt tcctagaact1320
    tgacttgctg cacacgatca ttcctgcaaa atcaccagag aaatgcaggt tggacatgat1380
    tccggacctc aaagccatga acccccttaa agccaagaca gcctccctct ttgagcagaa1440
    gtccatgaaa ggatgggtggc catgctacgc agagaaagat ggcgcccgcg taatggctgg1500
    gaaagtggag atgacattgg aaatcctcaa cgagaaggag gccgacgaga ggccagccgg1560
35  gaagggggcg gacgaaccca acatgaaccc caagctggac ttaccaaatac gaccagaaac1620
    ctcccttctc tggttcacca acccatgcaa gaccatgaag ttcacgtgtg ggcgccgctt1680
    taagtgggtc atcatcggtc tgctgttccg gcttatcctg ctgctcttcg tggccgtgct1740
    cctctactct ttgccgaact atttgtcaat gaagattgta aagccaaatg tgaacaaag1800
    gcaaaggctt catttcaaga gtcattccagc aatgagagaa tcctgcctct gtagaccaac1860
40  atccagtggt attttgtgtc tgagaccaca cccagtagc aggttacgcc atgtcaccga1920
    gccccattga tcccagagg gtcttagtcc tggaaagtca ggccaacaag caacgtttgc1980
    atcatgttat ctcttaagta taaaagttt tattttctaa agtttaaatac atgtttttca2040
    aaatatTTTT caaggtggct ggttccattt aaaaatcatc tttttatatg tgtcttcggt2100
    tctagacttc agcttttga aattgtaaa tagaattcaa aaatctctgc atcctgaggt2160
45  gatatacttc atattttaa tcaactgaaa gagctgtgca ttataaaatac agttagaata2220
    gttagaacaa ttcttattta tgcccacaac cattgtctata ttttgtatgg atgtcataaa2280
    agtctattta acctctgtaa tgaaactaaa taaaatggtt tcacctttaa aac 2333

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 45:

50

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1612 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

55

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 45

```
15  gtctctctttt tttctctttt tttttttttt tttttttttt cctgtggaag tgctttttatt 60
    agcagtaagg ctgatacgta aaaaaattct cagagcttca taggacaagg tagtacaagt 120
    atggatgata caggactgag gaacggggga cggctcaaaa gaaatcaaca tcgtctgggg 180
    catccaaggtc ccgatattcc acaatggccc ttgggtctcc acgaaccatc ctgttgcgag 240
    gtttccccagg ataacctccc tggcctcgga aggcatacata gtccctcga ccagcaccat 300
20  acggggcatg ggggtatgga gggcctcctg tggggactgc agggcggaca gcaccagctc 360
    catagcccaa gatcgggggc cgggctgac catagggcat caggccctgg ggagtctggt 420
    gtgggtaggg gagtccctgg gtcaaacctg gggggagtat ctgggcgggc ccagggtggt 480
    gggctggctt gatctcaggc agagctgggc gcttagcatc agtgaggaag ttgttaaaaa 540
    acgcgacttc ctttttcaact tctcaattt tctctgcatg cttgttgaag atatgtttgc 600
25  gcacaaactc aggaccttg aatttcttgc cactgagagg acacagccac ttatccttgc 660
    ccagttcctg cgtgttggag gtgacgaact tctccacttc ctgctctggg tctttgcgcc 720
    ccattctctg ggcctcttcc tctgagagtg actcccgac actcagcaac ggcgtgagct 780
    tctctcaaaa agtcttctgc cactccagca ctccccctg actgatgcgg ttgggtggca 840
    tgggcccccg aacgtggatg atcccacagc gattgggcat ctgctcctcg ttggggtact 900
30  cacagggtgtt gtaataatcc aaggaatgca cgatgcgcag gtaaaggagg agcttgtcca 960
    agaccttaat caacttctca tccgctcca cgttgatctc tgccgggttc ccttccttag1020
    gaggtcctc aggaggagcg ccccgcgtgc tcccagcag ctctcctec tggcgctta1080
    ctctcctgat caggtagtgc gtgatattct tcaagatcgg gttttgcgag ggcaggctcg1140
    tgggcagggg aggcgtccct ggttctgagg cccaaagctg tgtcctgtca tccagcgtgt1200
35  ggatcagctt ggccgccagc ttgatgtcgt tgcgcacaat ctgcttgtgc tgggtgatgc1260
    cgttgatgtt gcgaacgcgc cgggtcaggt ccctgttcac accagggtc agctcacact1320
    cccggagacg gatgttctgc aggttccaac agatctctt aatgttaaca ctgcggtcga1380
    aggtcaccca gccacgacgg aaaaacctcc tctctggctg gggctctgag agcgccaccc1440
    gcataaagcc tgggtacctt ttacaaaggg agatgatctc ggcccgagg atgttgggag1500
40  cgatgttgcg catgaagagg gagcaggtct tatgcagcgg ccgcggttg cactccagcc1560
    ccgcggcgctc cttgggcttc tccattctt ctctctggg ctctccttc tc 1612
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 46:

45

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1106 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 46

5
10
15
20
25
30
gaaagctctg gctttcaggc tataggaaga gcagaagatg atgccagaag ttgctggggtt 60
aaaaccagcg agtccacccg tccttaccag ctccctcagaa ggcggagacc gacctgata 120
acttaccgga tatttcgtca cagaagacac aaagacacat ccagcgggga ccacctcacc 180
tgcagattag acccccaagc caaagacctg aaggatggga cccaggagga ggccacaaaa 240
aggcaagaag ccctgtgga tccccgcccga gaaggagatc cgcagaggac agtcatcagc 300
tggaggggag cgtgatcga gcctgagcag ggcaccgagc tcccttcaag aagagcagaa 360
gtgcccacca agcctccctt gccaccggcc aggacacagg gcacaccagt gcatctgaac 420
tatcgccaga agggcgtgat tgacgtcttc ctgcatgcat ggaaaggata ccgcaagttt 480
gcattggggc atgacgagct gaagcctgtg tccaggctct tcagtgaagt gtttggcctc 540
ggctctcacac tgatcgagc gctggacacc atgtggatct tgggtctgag gaaagaattt 600
gaggaagcca ggaagtgggt gtcgaagaag ttacactttg aaaaggacgt ggacgtcaac 660
ctgtttgaga gcacgatccg catcctgggg gggctcctga gtgcctacca cctgtctggg 720
gacagcctct tcctgaggaa agctgaggat ttgggaaatc ggctaatacc tgccttcaga 780
acaccatcca agattcctta ctcggtatgt aacatcggtc ctggagttgc ccaccgcca 840
cgttgacact ccgacagcac tgtggccgag gtgaccagca ttcagctgga gttccgggag 900
ctctcccgtc tcacagggga taagaagttt caggaggcag tggagaaggt gacacagcac 960
atccacggcc tgtctgggaa gaaggatggg ctggtgcccc tggtcatcaa taccacagt 1020
gggcctgttt caccacctg ggcgtatatt caggtggggg cgccaggggc cgacagctta 1080
ttattgagtt acctgtttga aaggca 1106

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 47:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1370 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 47

```

5  gcggtggcga ggggcgtaac ggttggtgta gtccggcccc ctcctggctg gtccagccac 60
   attaacggc aggatgtcgg aggtgcggct gccaccgcta cgcgccctgg acgactttgt 120
   tctggggctg gcgcgtctgg cggctccgga tccatgcgac ccgcagcgat ggtgccaccg 180
   cgtcatcaac aacctcctct actaccaaac caactacctt ctctgcttcg gcacgcgcct 240
10  cgctctcgcc ggggtacgtg gggcacttca tacgctcctg agcgcgctgg tagtggcggt 300
   ggccctcggc gtgctggtgt gggcagctga gaccgcgca ctgtgcgcg ctgccgccgc 360
   agccaccctg cagcctgcct ggccgcagtg cttgcgcgtg gcctcctggt gctctgggtc 420
   gcgggcggcg cttgcacctt cctgttcagc atgcgcgggc cgggtgcttct gatcctgggt 480
   cagcctcgt tgcgcctgcg caaccttaag aacaagattg agaacaagat cgagagcatt 540
15  ggtctcaagc ggacgccaat gggcctgcta ctagaggcac tgggacaaga gcaggaggct 600
   ggatcctagg cccctgggat ctgtaccag gacctggaga ataccacccc acccccagcc 660
   cataattggg acccagagcc ctttcccagc acttaaaaca ggagcctaga gccccctgcc 720
   caaacaacaa aggacatctg tgaccgcctt acccccacgc cagcccaaaa ctaagatatc 780
   cctcacacc agccccatt acctaggagc aagagtcttc cccagccttg aacctaggac 840
20  caagagccac ctacatccag ccccaaaact ggggcttcag gccagagcat ccatggccaa 900
   tttcaaattg tgaaccaga gacctcca tccaccctt tccatgctca tccccaaact 960
   ggggcctgga gcaaggcact ctcaaattt gaacctgga ccaaagcttt tccagacccc1020
   accctacctt ccaaccagc tcaagacatt gccaaattt gaactcagaa cccaagtgtt1080
   ccatgccctt gtgtggatgg agtcgggtat cctgactgtt ggacccttg tccaggtgat1140
25  cccgaccctc accagtccca tttgcctccc tccagctctg cttaggcatt ttgccctcal1200
   cccaatggt ccacaccatc gacaaccaag gggtgagggt gggacaggcc tcagcaggga1260
   atggggcgta tatgttagtg ttgtgcaac aataaagcct gttgcatctc tcatgccaaa1320
   aaaaaaaaaa aagtcgaccg gccgcaaata tagtagtagt agtcgtccgc 1370

```

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 48:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 617 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

30 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

45 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 48

```

50  ctcgtagttt attaaatgat gtacaatttg gccagtttgg agatgacca aaggaggaag 60
   taatggttct ggagagaatc ttactggcag accatcaagg ttgatttaca ggtagaacat120
   ccataccagt tcctactaaa atatgcaaag caactcaaag gtgataaaaa caaaattcaa180
   aagttggttc aaatggcatg gacatttcta aatgacagtc tctgcaccac cttgtcactg240
   cagtgggaac cagagatcat agcagtagca gtgatgtatc tcgcaggacg tttgtgcaaa300
   tttgaaatac agaattggac ctccaaaccc atgtatagga gatggtggga gcagtttgtt360
55  caagatgtcc cggtcgacgt tttggaagac atctgccacc aaatcctgga tctttactca420
   caaggaaaac aacagatgcc tcatcacacc ccccatcagc tgcaacagcc cccatctcct480
   gagcctccca ccccgctgcc tgggcctgt ggttgcctgg cctccacact caaggagggg540

```

aagggtgtac agcccgaaacc cgtggagcaa tgccctgtct ggcctccaaa accaaaaataa600
aactgggtca ctttaaa 617

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 49:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1899 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 49

tgtgtgaggc ccaacagcgg aatcatcgat gcaggggcct gaattaatgt atctgtgatg 60
ttacagcctt tcgattatga tcccaatgag aaaagtaaac acaggttatg gttcagtcta 120
30 tggttgctcc aactgacact tcagatatgg aagcagtatg gaaggaggca aaaccggaag 180
accttatgga ttcaaaactt agatgtgtgt ttgaattgcc agcagagaat gataaaccac 240
atgatgtaga aataaataaa attatatcca caactgcata aaagacagaa acaccaatag 300
tgtctaaatc tctgagttct tctttggatg acaccgaagt taagaagggt atggaagaat 360
gtaagaggct gcaagggtgaa gttcagaggc tacgggagga gaacaagcag ttcaagggaag 420
35 aagatggact gcggatgagg aagacagtgc agagcaacag cccatttca gcattagccc 480
caactgggaa ggaagaaggc cttagcaccg ggctcttgcc tctggtggtt ttgttcttta 540
tcgttggtgt aattattggg aagattgcct tgtagaggta gcatgcacag gatggtaaat 600
tggattggtg gatccaccat atcatggat ttaaatttat cataaccatg tgtaaaaaga 660
aattaatgta tgatgacatc tcacagggtc tgcctttaa ttaccctcc ctgcacacac 720
40 atacacagat acacacacac aaatataatg taacgatctt ttagaaagt aaaaatgtat 780
agtaactgat tgagggggaa aagaatgatc tttattaatg acaagggaac ccatgagtaa 840
tgccacaatg gcatattgta aatgtcattt taacattgg taggccttg tacatgatgc 900
tggattacct ctcttaaaat gacaccctc ctgcctggtt ggtgctggcc cttggggagc 960
tggagcccag catgctggg agtgcggtca gctccacaca gtagtccca cgtggcccac1020
45 tcccgcccca ggtgcttct cgtgtcttca gttctgtcca agccatcagc tccttgggac1080
tgatgaacag agtcagaagc ccaaaggaa tgcactgtgg cagcatcaga cgtactcgtc1140
ataagtgaga ggcgtgtgtt gactgattga ccagcgtt tggaaataaa tggcagtgtc1200
ttgttcactt aaagggaaca agctaaattt gtattggtc atgtagtga gtcaactgt1260
tattcagaga tgtttaatgc atatttaact tatttaatgt atttcactc atgtttctt1320
50 attgtcaca gagtacagt aatgctgcgt gctgctgaac tctgttgggt gaactggtat1380
tctgctgga ggcgtgtgg ctcctctgtc tctggagagt ctggtcatgt ggaggtggg1440
tttattggga tgctggagaa gagctgcag gaagtgtttt ttctgggtca gtaataaaca1500
actgtcatag ggagggaaat tctcagtagt gacagtcaac tctagggtac cttttttaat1560
gaagagtagt cagtcttcta gattgttctt ataccacctc tcaaccatta ctcacacttc1620
55 cagcgcccag gtccaagtct gagcctgacc tccccttggg gacctagcct ggagtcagg1680
caaattggtc gggctgcaga gggttagaag cgagggcacc agcagttgtg ggtggggagc1740
aagggaagag agaaactctt cagcgaatcc ttctagtact agttgagagt ttgactgtga1800

attaatttta tgccataaaa gaccaaccca gttctgtttg actatgtagc atcttgaaaa1860
gaaaaattat aataaagccc caaaattaag aaataaaaa 1899

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 50:

5

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1398 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

10

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

20

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 50

agaatgtcgg gcggtgctgc gaggcccaag cccgggcccgg ggccgcctcc ctcaacgcct 60
cccttgacgg cctccacaac gcaactcttcg ccactcagcg cagcttgag cagcaccagc 120
30 ggctcttcca cagcctcttt gggaacttcc aagggtcat ggaagccaac gtcagcctgg 180
acctggggaa gctgcagacc atgctgagca ggaagggaa gaagcagcag aaagacctgg 240
aagctccccg gaagagggac aagaaggaag cggagccttt ggtggacata cgggtcacag 300
ggcctgtgcc aggtgccttg ggcgcggcgc tctgggagge aggatccct gtggccttct 360
atgccagctt ttcagaagg acggctgccc tgcagacagt gaagttcaac accacataca 420
35 tcaacattgg cagcagctac ttccctgaac atggtactt ccgagccct gagcgtggtg 480
tctacctgtt tgcagtgagc gttgaatttg gcccagggcc aggcaccggg cagctggtgt 540
ttggaggtca ccacggact ccagtctgta ccactgggca ggggagtgga agcacagcaa 600
cggctcttgc catggctgag ctgcagaagg gtgagcagat atggtttgag ttaaccagg 660
gatcaataac aaagagaagc ctgtcgggca ctgcatttgg gggcttcctg atgtttaaga 720
40 cctgaacccc agccccaatc tgatcagaca tcatggactc gccagctct cctcggcctg 780
gggctctggc caaggatggg ctggaggtca ttcagttggt ctgtctcttc cctggaaacc 840
ttctgcaaag atggtgtggt gtacgtggct tccctgtaac cacatggggc ttggccattt 900
ctccatgatg agaaggactg gaatgcttct ccgggcagga catggtccta ggaagcctga 960
accttggctt ggcatgcctt ctcagacagc acggcctggg ctccaactct tcaccacacc1020
45 ctgtattcta caacttcttt ggtgttttgc tctcctgtg gttgaaact tctgtacaac1080
actttaaaact tttctcttgc ttctcttct cttctccct atcgatgat agaaagacat1140
tcttccccag gaggaatgtt taaaatggag gcaacatttt ggccaacatt ggaaagcact1200
agagggcaat gggattaaac caacctgctt ggtctctatt agtcagtaat gaagacgaca1260
gcctggccaa ccaagggaaa gaaattagt atctttagt tcagtcattc cttgtagggg1320
50 tatgggtttt agcttgtggc cccaccgaa aagattcatc ttggattgtt aatgcctatt1380
attccccaca ttaagggg 1398

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 51:

55

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1340 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

- 15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 51

20 tttggcatca tttaacaattt catagaatta ctgtgaaggc ctttctagtt gagatgttgg 60
 ggtatttggg attctaattg ttaaccccag aagaaggtaa tttagcttgt atttatatta 120
 aaccatttta gccttttact tataatctgtt agaattccag tgatcatcct aataaggat 180
 atttcagaat aatttttttt tccttcagaa taacttagaa tcagatgcta taagggtcc 240
 25 taggagcagt gtgaaatttc cgtaaagata aatttgaatg ttgtaaccaa gtttatatta 300
 aaccaagagg ccattttcaa tatgattttt tgtttctttt taacttgta agtccctaag 360
 agattacatg ctagggttg agtcatttct attgtagata atgatggccc acacagtcac 420
 cttcaactat ccacataagc taggctttcc gcttttgcca cggacagtgt gaccaagata 480
 tttccagagt aaataaccca ccacaacctt ggtaattcct cttttcttct taagctccag 540
 30 gaagcgaaag cagaaggact cttttcagac tgccctctgt agcctacatt gcagctttcc 600
 aaaacaggca gctagcactg ggaaagccca tgggtgacc ccatattttt ctgaggttct 660
 tcttttccat ggtgttactt tattatcaga aaggtaacgg atacattggg attcaggagt 780
 agcagacaag aaccacacca gtttcttgta aggttaacgg atacattggg attcaggagt 780
 gacacagagg tccagcccca gaacttgtaa ggattttgtt tgaacactga gcagatgcct 840
 35 cctccctgcc acccatcaca ctagttaggg ctggccatga attctatgcc agagtcactc 900
 ctgcagtctg ctagggatgg gccttcttat cccactctcg cacacatccc agtctagtct 960
 ttgccttcac agagtccctc ttgacacccc tgacttaatg atagtgtctg ttttgagta 1020
 gaattgatca ggtttaagtc atcctgctca ggttggcat agtggctcat gcctgtaata 1080
 tcagcacttt gggaagccaa agtgggagga ttgcttgagc ccaggagtcc caaacatcc 1140
 40 tgggcaacag agggagaccc tgtctctacc aagaaaaaaa aaaaaaaaaa aaagttaaaa 1200
 aaacaattag ctggacctgg tgggtgcacac tcagttaggt gaggtgaaag gattccttta 1260
 acatgggaga ctgaagatgc agtgagccat gaatcagcaa ctgcacacca gtatgagaga 1320
 aaaagtggaa ccctatcaca 1340

- 45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 52:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 315 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 50 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

- 55 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 52

atcagcacat caattgcagc attgtggcta ccagggggtc aggatgcggg cggaggagcc 60
ctctggcctt tgtgtgtag ccgaggactc tgtgtcagcg accgttttcc gggaaacttc120
15 cgggcgagac tcacatcttg gaaattcaaa tactcaatag ctctcgaatt ctaggaaatct180
tgagaagagg cctggattaa ggattcagac gtgggccctc agatggctat ggcattgctg240
gttctaccaa cgtgacagg gatcaagtta agaagctgga cgtcctctcc aacgacctgg300
gtatggaaca ggtta 315

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 53:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1162 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

25 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

40 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 53

cggctcgagc ggctcgagat tcgaggctgt ggtggtcttg gaagagcgtc gagggggccg 60
45 tggacgtgga atgggcccag gagatggatt tgattctcgt ggcaaactg aatttgatag 120
gcatagtgga agtgatagat ctggcctgaa gcacgaggac aaactggag gtagcggatc 180
tcacaactgg ggaactgtca aagacgaatt aacagagtc cccaaataca ttcagaaaca 240
aatatcttat aattacagt acttgatca atcaaatgtg actgaggaaa cacctgaagg 300
tgaagaacat catccagtgg cagacactga aaataaggag aatgaagtg aagaggtaaa 360
50 agaggagggt ccaaaagaga tgactttgga tgagtggaa gctattcaaa ataaggaccg 420
ggcaaaagta gaatttaata tccgaaaacc aaatgaagg gctgatggc agtggaagaa 480
gggatttgtt cttcataaat caaagagtga agaggctcat gctgaagatt cggttatgga 540
ccatcatttc cggaagccag caaatgatat aacgtctcag ctggagatca attttgaga 600
ccttgccgc ccaggacgtg gcggcaggg aggacgagg ggacgtggc gtggtggcg 660
55 cccaaaccgt ggcagcagga ccgacaagtc aagtgttct gctcctgatg tggtatgacc 720

agaggcattc ccagctctgg cttaactgga tgccataaga caaccctggt tcctttgtga 780
 acccttctgt tcaaagcttt tgcatgctta aggattccaa acgactaaga aattaaaaaa 840
 aaaaagactg tcattcatac cattcacacc taaagactga attttatctg ttttaaaaaat 900
 gaacttctcc cgctacacag aagtaacaaa tatggtagtc agttttgtat ttagaaaatgt 960
 5 attggtagca gggatgtttt cataattttc agagattatg cattcttcat gaatactttt1020
 gtattgctgc ttgcaaataat gcatttccaa acttgaaata taggtgtgaa cagtgtgtac1080
 cagttaaaaa aatcacaaaa aaaaaaaatt ttaattaagg atttagaagt tcccccaatt1140
 acaaactggt tttaaatatt gg 1162

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO.:54:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1826 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

15 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

30 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:54

35 cggctcgagg ccccgccctt gttcgccccg cgccaccggc ccgcgccccg ccatggagga 60
 cctggatgcc ctgctctctg acctggagac taccacctcg cacatgccaa ggtcaggggc 120
 tccaaagag cgccctgcgg agcctctcac cctccccca tctatggcc accagccaca 180
 gacagggtct ggggagtctt caggagcctc gggggacaag gaccacctgt acagcacggt 240
 atgcaagcct cggtcccca agcctgcagc ccggcgggcc cctccattct cctcttccag 300
 cggtgtcttg ggtaccgggc tctgtgagct agatcggtt cttcaggaa ttaatgccac 360
 40 tcagttcaac atcacagatg aaatcatgtc tcagttccca tctagcaagg tggtctcagg 420
 agagcagaag gaggaccagt ctgaagataa gaaaagaccc agcctccctt ccagcccgtc 480
 tcttgccctc ccaaaggctt ctgccacctc agccactctg gagctggata gactgatggc 540
 ctcaactctt gacttccgcg ttcaaaaacca tcttcagacc tctgggcca ctcagccacc 600
 ggtggtgagc tccacaaatg agggctcccc atccccacca gagccgactg gcaagggcag 660
 45 cctagacacc atgctggggc tctgagctc cgacctcagc cgccggggtg ttccccacca 720
 ggccaaaggc ctctgtggct cctgcaataa acctattgct gggcaagtgg tgacggctct 780
 ggcccgcgcc tggcaccctg agcacttcgt ttgcggagggc tgttccaccg ccctgggagg 840
 cagcagcttc ttcgagaagg atggagcccc cttctgcccc gagtgctact ttgagcgctt 900
 ctgcgcaaga tgtggtctt gcaaccagcc catccgacac aagatggtga ccgccttggg 960
 50 cactcactgg caccagagc atttctgctg cgtcagttgc ggggagccct tcggagatga1020
 gggtttccac gagcgcgagg gccgcacctc ctgcccgccg gacttcctgc agctgttcgc1080
 ccgcgcctgc cagggtgccc agggcccat cctggataac tacatctcgg cgctcagcgcl140
 gctctggcac ccggactgtt tctctgcag ggaatgcttc gcgcccttct cgggaggcag1200
 ctttttccag cagcagggcc gcccggtgtg cgagaaccac ttccacgcac gacgcggctc1260
 55 gctgtgccc acgtgtggcc tccctgtgac cggccgctgc gtgtcgcccc tgggtcgccg1320
 cttccaccgc gaccacttca catgcacctt ctgcctgcgc ccgctcacca aggggtcctt1380
 ccaggagcgc gccggcaagc cctactgcca gccctgcttc ctgaagctct tcggtgaca1440

gcccgcctcg ctcgccctct cccccggagg ccgcgcctc ccggaagaag cgggtcctcc1500
 agaccccgag gccttgctct cagagcggga ggccccacc actggagag cccgccccta1560
 aggtactatg agtcctcagg ggtcaagttc agaaacggcc cagccagacc taaaccaca1620
 cccccacaaa gtggattgca cacagacaag aactcccggt cgggcctcca ctctattccc1680
 5 acccttgagg gagccccctt actgggggag ggtccttgca attccagcga atcggaggcc1740
 aggccaggac gtccttgctc cctgcaccct cactgttctg tgcacttttt ctacctacat1800
 aaacacacgc attccacctc aaaaaa 1826

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 55:

10

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1114 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

25

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 55

gatgaagtag atgactttga ggacttcac ttcagccact tctttggaga caaagcactg 60
 aagaagaggt cagggaagaa ggacaagcac tcacagagcc caagagctgc gggggccagg 120
 35 gaggggcaca gcataggggg ctgacaccct gccccacagg gaatggcctt ggccctggcc 180
 agcccaagat cccagcggtta tctaactcct ggaggggtga ctctgtcctg gcttggttgg 240
 tgtcctcaga tatctttcac acagtagagc aaaatcacca gccctgcact gatgtcactt 300
 tatgtagaaa aaggcccttag ctggacctgc gttgccgtct atgcaaagc atgcaaatac 360
 tccaggccct gggatgtggg cttgtgtttt gtcactgtga agggggagat gggagaggag 420
 40 cctgttttgg ggtggggtct ggggaaggca atctgattct gaagctaaag agctttcac 480
 ctcttgagtg tatgtcccca tagtgggccc cttgaccac atgctgaccg gtgccttggg 540
 atttgactag agttgctggc tcgaggccca gcacgaggac ttaccctggg gttttgtag 600
 gtttgaagc agctgtccct aggggggtgaa gtccccccc tttttttttt tttaccctg 660
 cttctccac ggcttcacct ccctatgtga actgtagact cagatcccaa taaagtgtg 720
 45 ttgcagctat gatgctaggt gggttctaag cacaggggac accccacacc ccctgcctga 780
 atggatgggt ccatcccagg cactggtact tgcccccttg ttctgtatcc cccttggccc 840
 ttgccttgcc cttccaacaa accctaggcc cttgagaagc tgatacttct ccttttgc 900
 acagctgcct tggccccacc cctgggagat gtagcaaatt gagggtgggt tttggagtct 960
 gagcctcagg ctcaaatcca ggccaagtga tcttgggcaa gttaatctct gggaactttg1020
 50 ggtttcttat cctcaaaaaa ggcgatggaa gggctgggga agtgattaaa taaaagcaac1080
 gcaagaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaa 1114

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 56:

55

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1644 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

15

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 56

20

```

ctcagagccgt gcaagtggaa taacacgggc tgccaggccc tgcccagcca agaacgaagg 60
ccccagcaag gccttcgtga actgtgacga gaacagccgg cttgtctccc tgacctgaa 120
cctggtgacc agggctgatg agggctggta ctggtgtgga gtgaagcagg gccacttcta 180
tggagagact gcagccgtct atgtggcagt tgaagagagg aaggcagcgg ggtcccgcga 240
25 tgtcagccta gcgaaggcag acgctgctcc tgatgagaag gtgctagact ctggttttcg 300
ggagattgag aacaaagcca ttcaggatcc caggcttttt gcagaggaaa aggcggtggc 360
agatacaaga gatcaagccg atgggagcag agcatctgtg gattccggca gctctgagga 420
acaagggtga agctccagag cgctgggtct caccctggtg cccctggggc tgggtgctggc 480
agtgggagcc gtggctgtgg ggggtggccag agcccggcac aggaagaacg tcgaccgagt 540
30 ttcaatcaga agctacagga cagacattag catgtcagac ttcgagaact ccagggaatt 600
tggagccaat gacaacatgg gagcctcttc gatcactcag gagacatccc tcggaggaaa 660
agaagagttt gttgccacca ctgagagcac cacagagacc aaagaaccca agaaggcaaa 720
aaggctatcc aaggaggaag ccgagatggc ctacaaagac ttcctgctcc agtccagcac 780
cgtggccgcc gaggccagg acggccccc ggaagcctag acggtgtgcg cgctgctcc 840
35 ctgcacccat gacaatcacc ttcagaatca tgtcgatcct ggggccctca gctcctgggg 900
acccactccc ctgctctaac acctgcctag gtttttccca ctgtcctcag aggcgtgctg 960
gtcccctcct cagtgcacac aaagcctggc ctaattgttc ctattgggga tgagggtggc 1020
atgaggaggt cccacttgca acttctttct gttgagagaa cctcaggtag ggagaagaat 1080
agaggtcctc atgggtccct tgaaggaaga gggaccaggg tgggagagct gattgcagaal 1140
40 aggagagacg tgcagcggcc ctctgcaccc ttatcatggg atgtcaacag aatttttccc 1200
tccactccat cctccctccc cgtccttccc ctcttcttct ttccttccat caaaagatgt 1260
atttgaattc atactagaat tcagggtgctt tgctagatgc tgtgacagggt atgccaccaal 1320
cactgctcac agcctttctg aggacaccag tgaagaagc cacagctctt cttggcgtat 1380
ttatactcac tgagtcttaa cttttcacca ggggtgctca cctctgcccc tattgggaga 1440
45 ggtcataaaa tgtctcgagt cctaaggcct taggggtcat gtatgatgag catacacaca 1500
ggttaattata aaccacatt cttaccattt cacacataag aaaattgagg tttggaagag 1560
tgaagcggtt ttctttttct tttttttttt tgagacggag gtcttccactg tcgccaggc 1620
tggagtgcag tggcgcaatc tcgg 1644

```

- 50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 57:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 2184 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
55 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 57

tgacgtgggc agagtgcacct ggtataaggg agagggcatc accttgcccc ctgtgctgac 60
tcctgccctt gtgcgagggg agtccatccc gatccggctc ttcctggccg ggtatgagct 120
20 cacgcccacc atgcgggaca tcaacaagaa gttctctgtg cgctattacc tcaacctggt 180
gctgatagac gaggaggagc ggcgctactt caagcagcag gaagtgggtg tgtggcggaa 240
gggtgacatc gtacggaaga gcatgtccca ccaggcgccg atcgctcac agcgctttga 300
gggcaccacc tccctgggtg aggtgcgagc cccagccag ctgtctgaca acaactgcag 360
gcagtaggcc ccaggggccg agaagatgct gggcaccac ccagcaccac catctacca 420
25 caccagcgcc tgggggccc ggcggacctt gtgaggctca gttgaccctg tacttgcaac 480
ctgaaaacaa atcatgtttt tgacttaaat tcttttctct ggagaaccca aggggcttgg 540
ggtgggaagc agtctctcct tgggattctg cgcccgatgt gggatagaag aggtagcatc 600
ctggaagcca gcctctctgg ggaacatgag ccccttccct cggggggctg ccttgccgtc 660
tagaggagg agagcagaga gcacgcaccc ttggctcctg gctctctgag ctctctgata 720
30 caggatctga gcatgtccct gggattctga gctgccaaac gggccctggg tagtcacac 780
ttgtactccc ctttgcctgc ccggaggtag tggcaggagt tgggccagcc cccactaagt 840
ggcaggggaa gactcacgat tgggaagcta cctctttggg aatcttggat gtggtgatct 900
caagttccca caggccacct ccttctggcc actcactgct gggaccagc cacctccctt 960
ctccatctc tctggattgt cagtaattgt ctggaacaga agcctgtagg atggccttgg1020
35 gcacggagaa gccctgggtg cagtgtcgtg cacggatggc ggcagtgttg aaccaggag1080
gctgaaccgg gccaccacg gaagatgagt gcatggcaac cgctgcctt cacgtcgtc1140
cacttggtaa ccccaaggtc tgggctgttc taggtattgc ttcacgtgcc ccagcaagcc1200
cttaacaaga gggcctggtt ccctgaagaa ccaatcccag gaaggggctt tgatccctcc1260
gccttgctga gagtgaacct tcgtctctcc tcaccctcca tttcatttct ggggaattggg1320
40 gcttagtttc gaaccttgg caaggctgtt cttactaatg cccaagcccc tttaccctc1380
tccctatagg ttacacagg gagaccagg cctcggcaga agactgctgc cacacttccg1440
aatcattctg cttgccaaat aggtcatctt caccagtga ctgacccaag tttaggacca1500
ttggtatcgt gtgtttaaaa aacacatata aaaaaactct tgtgaatatt ctgttatgc1560
tagagaggaa ggtacttctc cctctacggc tctgcgctgg ggcctatggt agtaaagttg1620
45 tttactgtcc tttttctgct tcccctggaa atgacaggca ttactctccc attggcctcc1680
cttcccttta tagaaagacc aagcaggccc cactggccaa gaggtagcgt atttggcagt1740
ctgagttctc agtaatttgg aaagttaagg agttggttcc tgtgtcacct ttcagttagt1800
gtgggaaagg aagacttctg ttttctgaga atcagtgcag tctcaggcct ttggcagggc1860
tcattgatat gagctgagac tggagggaga gccatttcgg gtacgctagg agggcgactg1920
50 gcggcagcag aaccgaggaa ggcaagggtt ttccccccac gctgtgtcct gtgttcaggt1980
gcgacacaca atcctcatgg gaacaggatc acccatgcgc tgcccttgat gatcaaggtt2040
ggggcttaag tggataaggg aggcaagttc tgggttccct gccttttcag agcatgaggt2100
caggctctgt atccctcctt ttcttagctg atattctaac tagaagcatt tgtcaagttc2160
cctgtgtggc ccttcccccc agag 2184

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 58:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1510 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:

15

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

- 20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 58

agcctgggaa acacagtagg gctccacctc tacaaaaaac acaaaaatta gccaggcatg 60
tggcgtcata gtagaattaa tcaaaagcaa gaaaatggct ggaggagctg tcttgttggc 120
aggacctcct ggaactggca agacagctct ggctctggct attgctcagg agctgggtag 180
25 taaggtcccc ttctgcccaa tgggtggggag tgaagtttac tcaactgaga tcaagaagac 240
agaggtgctg atggagaact tccgcagggc cattgggctg cgaataaagg agaccaagga 300
agtttatgaa ggtgaagtca cagagctaac tccgtgtgag acagagaatc ccatgggagg 360
atatggcaaa accattagcc atgtgatcat aggactcaaa acagccaaag gaaccaaaca 420
gttgaaactg gaccccagca tttttgaaag tttgcagaaa gagcgagtag aagctggaga 480
30 tgtgatttac attgaagcca acagtggggc cgtgaagagg cagggcagggt gtgataccta 540
tgccacagaa ttgcacctg aagctgaaga gtatgtcccc ttgccaaaag gggatgtgca 600
caaaaagaaa gaaatcatcc aagatgtgac cttgcatgac ttggatgtgg ctaatgcgcg 660
gccccagggg ggacaagata tcctgtccat gatgggccag ctaatgaagc caaagaagac 720
agaaatcaca gacaaacttc gaggggagat taataagggt gtgaacaagt acatcgacca 780
35 gggcattgct gagctgggtc cgggtgtgct gtttgttgat gaggtccaca tgctggacat 840
tgagtgtctc acctacctgc accgcgcctt ggagtcttct atcgctccca tcgtcatctt 900
tgcatccaac cgaggcaact gtgtcatcag aggcactgag gacatcacat cccctcacgg 960
catccctctt gaccttcttg accgagtgat gataatccgg accatgctgt atactccaca1020
ggaaatgaaa cagatcatta aaatccgtgc ccagacggaa ggaatcaaca tcagtgagga1080
40 ggcaactgaac cacctggggg agattggcac caagaccaca ctgaggtact cagtgcagct1140
gctgaccccg gccaaacttg ttgctaaaat caacggggaag gacagcattg agaaagagca1200
tgtcgaagag atcagtgaac ttttctatga tgccaagtcc tccgccaaaa tcctgggctt1260
gaccaggcag ggataagtta cattgaagtt gagatggctt gaggggtttt cagcagctaa1320
gagacttccc caggtgtgct tggcctgggg tcagacctgt gggcgctttg ccctgggggt1380
45 tgggggctgc cttcccccatt tcaggcggtt ggttgcagcg ttgttcaatt tcagttgttg1440
gaaagcgttt tttttttgaa gttagtctta agtgtttccc cttgggtttg ttttgaaaag1500
aacccttctt 1510

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 59:

50

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1188 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 59

```
gagaactcac accatatgtg tcctgttcca gtgcgcgggt ctgtggagag ccgggtgcga 60
gcggcggcag cacgagggga aaagagctga gcggagacca aagtcagccg ggagacagtg 120
ggtctgtgag agaccgaata gaggggctgg ggccacgagc gccattgaca agcaatgggg 180
aagaaacaga aaaacaagag cgaagacagc accaaggatg acattgatct tgatgccttg 240
gctgcagaaa tagaaggagc tgggtgctgcc aaagaacagg agcctcaaaa gtcaaaaggg 300
aaaaagaaaa aagagaaaaa aaagcaggac ttgatgaag atgatatcct gaaagaactg 360
gaagaattgt ctttggaagc tcaaggcatc aaagctgaca gagaaactgt tgcagtgaag 420
ccaacagaaa acaatgaaga ggaattcacc tcaaaagata aaaaaagaa aggacagaag 480
ggcaaaaaac agagttttga tgataatgat agcgaagaat tggaagataa agattcaaaa 540
tcaaaaaaga ctgcaaaacc gaaagtggaa atgtactctg ggagtttaac aaacttccta 600
aaaaagctaa agggaaagct caaaaatcaa ataagaagtg ggatgggtca gaggaggatg 660
aggataacag taaaaaaatt aaagagcgtt caagaataaa ttcttctggt gaaagtgggt 720
atgaatcaga tgaatttttg caatctagaa aaggacagaa aaaaaatcag aaaaacaagc 780
caggtcctaa catagaaagt gggaatgaag atgatgacgc ctcttcaaaa attaaagacag 840
tgggccaaaa gaaggcagaa aagaaggagc gcgagagaaa aaagcgagat gaagaaaaag 900
cgaaactgcg gaagctgaaa gaaaaagaag agttagaaac aggtaaaaag gatcagagta 960
aacaaaagga atctcaaagg aaatttgaag aagaaactgt aaaatccaaa gtgactgttg1020
atactggagt aattcctgcc tctgaagaga aagcagagac tcccacagct gcagaagatg1080
acaatgaagg agacaaaaag aacgaaagat aagaagaaaa agaaaggagg acaaggagg1140
aaaagagaac agagaaggaa agaagggcct ggcaaaagcc actgtttc 1188
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 60:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2208 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 60

gcaggacggc tctgggccct tectggctga cttcaacggc ttctcccacc tggagctgag 60
aggcctgcac acctttgcac gggacctggg ggagaagatg gcgctggagg tcgtgttcc 120
ggcacgaggc ccagcgggc tctgtctcta caacgggcag aagacggacg gcaaggggga 180
10 cttcgtgtcg ctggcactgc gggaccggcg cctggagttc cgctacgacc tgggcaagg 240
ggcagcggtc atcaggagca gggagccagt caccctggga gcctggacca ggtctcact 300
ggagcgaaac ggccgcaagg gtgccctgcg tgtgggcgac ggcccccggtg tgttggggga 360
gtccccggtt ccgcacaccg tectcaacct gaaggagccg ctctacgtag gggcgctcc 420
cgacttcagc aagctggccc gtgctgtctg cgtgtcctct ggtctcgacg gtgccatcca 480
15 gctggctctc ctcggaggcc gccagctgct gaccccgagg cacgtgtctg ggcaggtgga 540
cgtcacgtcc tttgcaaggc acccctgcac ccgggcctca ggccaccctt gcctcaatgg 600
ggcctcctgc gtcccgaggg aggtgcctta tgtgtgcctg tgtcccgggg gattctcagg 660
accgcactgc gagaaggggc tggaggagaa gtcagcgggg gacgtggata ccttggcctt 720
tgacggggcg acccttgtcg agtacctcaa cgctgtgacc gagagcgaga aggcaactgca 780
20 gagcaaccac tttgaactga gcctgcgcac tgaggccacg caggggctgg tgctctggag 840
tggcaaggcc accgagcggg cagactatgt ggcactggcc attgtggacg ggcacctgca 900
actgagctac aacctgggct ccagcccggt ggtgtctgct tccaccgtgc ccgtcaacac 960
caaccgctgg ttgcgggtcg tggcacatag ggagcagagg gaaggttccc tgcaggtggg 1020
caatgaggcc cctgtgaccg gtcctcccc gctggggcgc acgcagctgg aactgatgg 1080
25 agccctgtgg cttgggggccc tgcggagct gcccggtggc ccagcactgc ccaaggccta 1140
cggcacaggg tttgtgggct gcttgcggga tgtggtggtg ggccggcacc cgctgcacct 1200
gctggaggac gccgtcacca agccagagct gcggccctgc cccaccccat gagctggcac 1260
cagagccccg cgccgctgt aattattttc tatttttcta aacttgtcgc tttttgat 1320
gattttcttg cctgagtggt ggccggaggg actgctggcc cggcctccct tccgtccagg 1380
30 cagccgtgct gcagacagac ctagtgtgta gggatggaga ggaggtgg cagcgtggag 1440
ggctcggcgt ggtggcagc ctcaggacac acaccctgc ctcaagggtc tgagcccccg 1500
ccttgcaact cgccgtcccc acggtgtccc cgccgggaag cagccccggc tctgaatca 1560
ccctcgctcc gtcaggcggg actcgtgtcc cagagaggaa ggggctgctg aggtctgat 1620
gggccccttc tccgggtgac ccacagggc ctttccaagc ccctatttga gctgctcct 1680
35 cctgtgtgtg ccttggaacc tgcctcgccc tctgcccga atactgtgac ttccaaaca 1740
tgttactgct gggcacagct ctgcgttgct ccggtgctgc ctgcccagc ccaggctgct 1800
gaggagcaga ggccagacca gggccgatct ggggtgtcctg accctcagct ggccctgcc 1860
agccaccctg gacatgaccg tatccctctg ccacacccca ggccctgcga ggggctatc 1920
agaggagctc actgtgggat ggggttgacc tctgcccct gcctgggtat ctgggcctg 1980
40 ccatggctgt gttcttcatg tgttgatttt atttgacccc tggagtgtg ggtctcatc 2040
ttcccatctc ccctgagagc ggctgagggc tgcctcactg caaaatcctc cccacaaaag 2100
cggtcagtga aaagtcggtc ctttgccta aaaaatgacc aaggggccaa gcaagttttg 2160
tgaacaaagg gtgaaggggg aagttcgaag aggttggaag ggaatttt 2208

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 61:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 50 (A) LÄNGE: 283 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

55

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

5

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 61

10

gaaaagggg aggggagtg acaatctttg cttggggcct atgacttctc cagccccaag 60
gggagatgcc accgggaaat cccccaatgt ccactagggg gcaggaggcc accgttcttc120
gtactccgga gaacctggct ggagagctct ttctgttca ccctccctc cagctgtatc180
tctgccctgc agataacgtg aaggactgga gcaaggctgt cctggcctat gagcctgtgt240
15 gggccattgg tactggcaag actgcaacac cccaacaggg aac 283

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 62:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 184 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

30

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

35

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 62

40

aacggaggat gcctaggctt ctggaggcga agaaggacgc ggcaagctgc gaaaagtcac 60
gggtatctgc aagcatgaaa tgatccgtga atatccgaat ggggcaacc gtgcagggtga120
agcctgcaca cctgaataaa tcaggggcag acgcagggaa ctgaaacatc ttagtacctg180
45 cagg 184

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 63:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1780 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 63

```

5      tcccccccg gggcaacccc cccatcgggc ccccaaagcg ctgggggttac agccttaagc 60
      caccaagccc cggcgagcct tcttctatct tccattctc ctttccaaag ccatggccat 120
      gcgtcctgt gtacaggtgc ataacacat cagtgtgcc tccctcacat gcatgtcgtt 180
20     cccacccct ccttcccagg gcttctcttg gctccagcgt tctctggga cctctgcag 240
      atacagcctg tgctggaccc ccagccaggg tgagggtca ttctgctctg tcttcccac 300
      tgccctcagtt tccccaaaa gctgctttca cgtccttcta gtagggggcc tcccatgggg 360
      gcaaggatcc ccttttaggat tcaatctttc ctctttgggc agttttggct ttgagtcctc 420
      cagggatcag ggtgagaatg aagaagagct cagtgaagcg aatgacagca gctgggtggg 480
25     tgggtgtggg agaggctgag gggaaggcag ctctaagact gggagtggag ttccctggagg 540
      tgtggggagg gggcggtgtt ttcaatttag aaaaatctca gccagctcga gccgagagag 600
      aatgcgaaag aggaagtctg gaaggagcga ggaatggggt ggggtggcagc gggggccgct 660
      cagttgctgt cgctcttgct caccagcagc gcgtccgact cctcggtgat ctccagcagc 720
      gcgtgcacgt cggggctgct cccgcgcgcg aggtcgccgg cctccccccg ctccgcccac 780
30     ctccaccatc tcgggtggcct tgagcacttc cacctggccc tcgcggatct tcttgacgtg 840
      gaaggtgaag ggtggcacct tgtagaccgc ggtcttgagg cgcgcgta caacgtggtc 900
      gggcgtgaag gatttgcgca acttgtcccg cgacgtcttc agtttctcgc gccgctcggc 960
      gggcaccagg cgcgtgccca gcttggtcat gcgcttctcc aggggtgtgc gcgtcttctc 1020
      caggttttcc ttggtcttga ggcgctctt ctccagggtc tcgcgggtac gcaccttggt 1080
35     cttctccatc ttctccttg agaaggcctt ctgaagtgc tccacgcgcc gcaggccctg 1140
      cgcttgatac gctctgcgcg ggactcctca ataacctct caacctccac cgctctgctc 1200
      gacgaaagct ccagcgccgc tgcgtcctcc tcgggcccgt cgccctcgcc cagctcctcg 1260
      cctccttct ctggcagcgc ctccgactct ttcagcgatt tgctgatgct cagtttgcc 1320
      ggcagcttca cttcatcctg gtagatcatg actttaagt tgcggcgcg cagcagctcg 1380
40     gcctcgttga cctccagctt cttgatctgc ccgcctggc gctccaggct gccgcgacg 1440
      gtcttcacgt tgacgtgac cttgcgcacc ttctccagca gcttgctcac cgtattgctc 1500
      gtgggtgggt gcgccttgcc cagcttgctc agctcgccct ggatgctctg cactgcgccc 1560
      tccatctccg cctgccgctc ctccagctgt gcttgagtc gctggatctg gtctacggcc 1620
      ccgatgattt tgtccaggag gctcagcacc agcacgccgt tcacctggtc cgacttgatc 1680
45     agctcttctg agccggcccc cgacggctcc tccgtgcct gagccccagc ggaggaagct 1740
      ccggggcctc ggcgatcggg gtaccggggc aagcgccgc 1780

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 64:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1652 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 64

```

15  ctcgagcggc tcgagccgat tcggctcgag cggctcgaga agaagatatg ctagtctgta 60
    tttttgctgt gctattgagg atcaggacaa tgaactaatt accctggaaa taattcatcg 120
    ttatgtggaa ttacttgaca agtatttcgg cagtgtctgt gaactagata tcactcttaa 180
    ttttgagaag gcttatttta ttttggaatg gtttcttttg ggaggggaag ttcaggaaac 240
    atccaagaaa aatgtcctta aagcaattga gcaggctgat ctactgcagg aggaagctga 300
20  aacccacagt agtggttcct gaagaaattg gactgacata actctcctcc cttgttgatg 360
    acttcttgatg gcatttcaca cactgtagat ggctactccc ttcattgtcca tgtagctca 420
    tgggtgaaga tgatgtcttg tcagtattac tgttttgcta agccgcttca ttcattgccta 480
    cacaattttt ttttaaaagg gaactttagt taattaagtg ataagggact taaatatgaa 540
    ttagaatggg gcagaaaagag ataccttttc tggatatttt aaagtttaaa ggtcagtttc 600
25  tcttaatctg attatgtgca catatgaaaa tggcacatca tatacatgta aaatcaggca 660
    gtatacattt attaattact gtatttgaca aaggaaactc ttaaattata atgtgaaacc 720
    tgggttttatg aaaccaaaaga ctatgacagc atttcagcat atgtaaaaag aaaaaaaaaa 780
    gggaattgac atgtcacata tcaaatgaat ggaaactttg ttgaaacttt aaaaagcaaa 840
    tttactccaa agacttgat tggaattac ataccttttt tttttttttt aaaggactac 900
30  agattatttt taatgactaa attggagtga tacttcttac actaaaaatt atttcttagg 960
    cattctgaat ctgggatgag aaacaggatt gtttcacaat agtaagcaca taatttttaa1020
    ggccaaggca catttgactc ctgagatgaa tttttgtgg tcataatcaa atacttagtt1080
    gtttttgatg ccccaaaata aagtgagaat ggtaatttgc caggaattct tcataacagt1140
    atcttacaaa aaacgtgttg ctctcttcac agtattatgt gtaaagtcac tgtttaaagc1200
35  acgaatgttc cctctggggg acttggttaa gctaaattta ttttgcttcc ctccacttag1260
    aagtgtcgca cactttacag cagcttcctt tctttccatg gcactgccta gttaacagaa1320
    gtcttataaa aatttaaaaa gacacatttc ttacaaaaaa gagttgaatg aggtaaaaatg1380
    gcattagatg gctctatatt ttttaaagct atgtaattgt tcagcgtcac ttttctaagt1440
    acttatacat atctaaacat gtcttcattg tttatatttt cacttatata tgctgggctg1500
40  gattaagctt tgttgtgatt gtgaccaaca ttcaggccac gtgagcactg tcttatcaca1560
    tcgccaatta gttgtaataa acgttcaacg tacaaaaaaa aaaaagggcg cagcttccct1620
    ggggggaatt actggaagcg ggggtaagcg ga 1652
  
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 65:

45

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1085 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

50

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

55

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 65

```

gctccctggc ctccctctca gacagcttgg ggggtgtctgt catggccacc gaccaggact 60
cctactccac cagcagcacg gaggaggagc tggagcagtt cagcagcccc agcgtgaaga 120
agaagccctc catgatcctg ggcaaggctc ggcaccggct gagctttgcc agtttcagca 180
15 gcatgttcca cgctttcctc tccaacaacc gcaagctgta caagaagggtg gtggagctgg 240
cgcaggacaa gggctcgtag tttggcagcc tgggtgcagga ctacaagggtg tacagcctgg 300
agatgatggc gcgccagacc tccagcacgg agatgctgca ggagattcgc accatgatga 360
cccagctcaa gagctacctg ctgcagagca ccgagctcaa ggcctgggtg gaccccgccc 420
tgcactccga ggaggagctc gaagcaattg tagagtctgc cttgtacaaa tgtgtcctga 480
20 agcccctgaa ggaagccatc aactcatgcc tgcacagat ccacagcaag gatgggttcgc 540
tgcagcagct caaggagaac cagttagtga tcctggccac caccaccact gacctagggtg 600
tgaccaccag cgtgccggag gtgcccatga tggagaagat cctgcagaag ttcaccagca 660
tgcacaaggc ctactcacct gagaagaaga tctccatcct gctcaagacc tgcaaaactca 720
tctacgactc catggccctc ggcaaccagc ggaagcccta tggggcggat gacttcctgc 780
25 ctgtgctcat gtatgtgtg gcccgcagca acctcacgga gatgcttctc aatgtggagt 840
acatgatgga gctcatggac cccgccctgc agctggggga gggttcctac tatctgacca 900
ccacctacgg ggcctggag cacatcaaga gctacgacaa gatcacgggtg acccggcgagc 960
tgagtgtgga ggtgcaggac tccatccacc gctgggagcg ccggcgctact ctcaacaagg 1020
30 ccggggcctc ccgtcctcc gtacagccac ttcactctgcg tgtcgtacct ggagcccgag 1080
cagca

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 66:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

35 (A) LÄNGE: 1393 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 66

55

5 gggcagggga gggagttgac gggctgacac aggaaactcc cctgaaacct gtttctcagc 60
 ttcccggccc agctgggca cccactggaa ggagaggcca ggcggaagac cctgggtccg 120
 tcatggcctc tgccctgagg ccaccccggtg tccccaaagg taagggtgtc ctgccttcac 180
 actactatga gagctttcta gagaagaagg ggccctgtga ccgggattac aagaagtctc 240
 10 gggcagggcct gcagggtctc accatttatt tctacaatag caatcgggac ttccagcacg 300
 tggagaagct caacttgga gcatttgaga aactcacaga tgagattccc tggggaagct 360
 cacgtgaccc tggcaccac ttcagcctga ttctccggaa tcaggagatc aagttcaagg 420
 tagagacctt ggagtgtcgg gaaatgtgga aaggcttcat cttaacggtg gtggagctcc 480
 gtgtcccgac cgacttgacc ctgcttcctg ggacacctata catgatgtct gaagtcttg 540
 15 ccaaagagga ggcgcccggt gcactggaga caccctcgtg cttcctgaag gtgagccggc 600
 tggaggcaca actgtcctcg gagcgtacc ccgagtgcgg gaacctgctg ctgcggccca 660
 gcggggacgg cgccgacggt gtcggtcacc acgcggcaga tgcacaacgg gacgcacgtg 720
 gtccggcatt acaaggtgaa gcgggagggg cccaagtac gtgatcgatg tggaaacagc 780
 gttctcttgc acctccctgg acgcccgtgt caactatttc gtgtcgata ccaaaaaggc 840
 20 gctggtgcca ttctgttag acgaggacta cgagaaggtg ctaggctacg tggaaagcca 900
 taaggagaat ggcgagaatg tgtgggtggc gccctccgct ccgggcccag gtcctgcacc 960
 ctgcacaggt ggccccaagc cgctgtcacc tgcgtctagc caggacaagc tgccccact 1020
 gccccacta ccgaaccagg aagagaacta cgtgacccct attggagatg gccagctgt 1080
 tgactatgag aaccaagatg tggcttcctc tagttggcca gtcacctga agccaaaga 1140
 25 gttgccaaag cctcctgcca agcttccaaa gccaccggt ggacccaagc cagagccca 1200
 agtctttaat ggtggttg gcagggaagc tgccagttca gtttcagccc agcctcttct 1260
 ttccccacag gccgggctgg gcagacatgg acggcagagt tacagaagaa gctgggaga 1320
 gaggcggggc actggtagca tggtttcgga cacaccagg accagcgggt tagttccagg 1380
 gcgggccagg tgg 1393

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 67:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 30 (A) LÄNGE: 1248 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- 40 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 45 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 67

50 ggcacgagga agttaagatc atacatgcgg atgtgctggt aacctgcaag aagcaatcat 60
 gctgcggtcc ggtgtgacct cccaaggcct tcacctggg agtccctggt gctgcacccc 120
 aaccacaggca gagctcatcg tgggtgacca gagcggggct atccacatct gggacttgaa 180
 aacagaccac aacgagcagc tgatccctga gcccgaggtc tccatcacgt ccgccacat 240
 cgatcccgac gccagctaca tggcagctgt caatagcacc ggaaactgct atgtctgaa 300
 55 tctgacgggg ggcattggtg acgaggtgac ccagctcatc cccaagacta agatccctgc 360
 ccacacgcgc tacgccctgc agtgtcgtt cagccccgac tccacgctcc tcgccacctg 420
 ctcggtgat cagacgtgca agatctggag gacgtccaac ttctccctga tgacggagct 480

```

gagcatcaag agcggcaacc ccggggagtc ctcccgcggc tggatgtggg gctgcgcctt 540
ctcggggggac tcccagtaca tcgtcactgc ttccctcggac aacctggccc ggctctggtg 600
tgtggagact ggagagatca agagagagta tggcggccac cagaaggctg ttgtctgcct 660
ggccttcaat gacagtgtgc tgggctagcc tgtgaccctt cgggactgcc tgggtgcaggt 720
5 ggtggcagct ggagggaccc atgcagcacc caggtcagag cagaccctcc cctgccggcc 780
tgcgccactg gacctgatgg cccctgtgg cgcttgacc tgctgggcca ggctgccctg 840
ggactctcag cccccagttg cttatccaga tgtgacagag ctgacccaa gccaggctgc 900
acactcctgg actgggctag cctgcactgc ctgggaaagt cggccgaggg cccaaagctg 960
ctgaggggtc tgaggctggg gccaccccc aagctagtgt gttctctgcc cctccctgcc1020
10 cgcgtttcag ggcctcgggc catagagaac accaccacca tggccagggt gaagggttta1080
ttagtccttg ccagcagctg tcctccctgg tgcagggtgc ctggccagcc cactggattg1140
gggacgggcc aggctgggcc aggtcggggg ctcagtctgg gaggtataa aagcagaccg1200
acacgcagat gttgctcggg aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaa 1248

```

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 68:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1099 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 20 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

25 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

30 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 35 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 68

```

ctcgtgcaat ttccggcagg gagtgtcaag cctgttgtct taacattttg tataaaaaag 60
40 aacaacagaa attatctgtc atttgagaag tggcttgaca atcatttgag ctttgaaagc 120
agtcactgtg gtgtaatatg aatgctgtcc tagtggtcat agtaccaagg gcacgtgtct 180
ccccttggtg taactgattt cctttttagt cctctactgc taaataagtt aattttgcat 240
tttgagaaaa gaaacattga ttgctaaatc tttttgctgc tgtgttttgg tgttttcattg 300
tttacttggt ttatattgat ctgttttaag tatgagaggc ttatagtgcc ctccattgta 360
45 aatccatagt catcttttta agcttattgt gtttaagaaa gtagctatgt gttaaacaga 420
ggtgatggca gcccttcctt agcacactgg tggagagac cccttaagaa cctgacccca 480
gtgaatgaag ctgatgcaca gggagcacca aaggaccttc gtttaagtgt aattgtcctg 540
gcctctcagc catgaccgtt atgaggaaat atccccatt cgaacttaac agatgcctcc 600
tctccaaaga gaattaaaat cgtagcttgt acagatcaag agaataact gggcagaatg 660
50 aagtatgttt gtttattttt ctttaaaaaat aaaggatttt ggaactctgg agagtaagaa 720
tatagtatat agtttgcttc aacacatgtg agggccaaat aacctgctag ctaggcagta 780
ataaactctg ttacagaaga gaaaaagggc cgggcacagt ggcttattcc tgtaatccca 840
acactgtgga aggccgaggc agggaggatca cttgagtcca ggagtttgaa acctacctag 900
gcaacatggt gaaaccttgt ctctaccaa ataaaaatta gctgggcatg gtggcacgtg 960
55 cctgtgggtc cagctacttg ggaggctgag gtgggagcct gggaggtcaa ggctgcagt1020
agccatgatc atgccactgc actccatcct ggggtgacagc aagatcttgt ctcaaaaaa1080
aaaaaaaaa aagtcgacc 1099

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 69:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 774 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

20

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 69

25

tttatggagc ctgtactatg taccagatgc agactgtgct agcgggttggg gatacagtga 60
tgacttgggc tgccctctagg tggcagggag ccattttggg ttttcgaaca gaaaagtgacl20
ataatgaatg ctgagttctt aggaagatta atccaggagt agtctccagg atgtactgga180
aggagagaag ctgaaaccag ggaggctgct gtgtttgcag ttggctgccc agtgctacct240
30 ctgcagagac aatcaatgct ctgaaggtag ctgggtatgct tgtgtgcaact gacacgagcc300
ttcctaccaa gcccagggg ctccatgctg gagaatgcac gtagggctag ggtgagcact360
aacttcactt caggagagca aggaacagtg tggctcttcc attttccagt tctgtaagca420
catcaccctt ttctctctccc cttgagctgt gttctctgac agctgtttgt tggtaaagcc480
agcagccctt aaagcacgct ccagccttgt ctccctctgtg ctttccccca ccactgctgc540
35 tgcacgcctc atttgctggg ccacttttagt ggtggaacca ttagaggctg agtgacttaa600
aggagattga gtctgtctcg accccgagag agagtgggat ggatggatgc atcgtctcat660
ttagaaagtg ttgcctctga ctctaacaca ctcttctctc tttctttacc gccctccctg720
tgtgcgtccc tgggggggcg tgggctaacc ccctccgctc cccctttctc ctte 774

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 70:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 45 (A) LÄNGE: 426 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

- 5 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 70

10 tagctccagt ctcagctgta tcattttcta actgattttt acaataaaaa tgagagtaaa 60
 aatcagttac tctttctaga cattaattag cacattttacg ttaagactct aagtagtata120
 aaatgtaaat tgctgctacc ctactaagtt actgtcagta aatactgtgt gcagtaaatg180
 ttgagtatgg attaatgaa ggatacctct acaattattt cctttagtca aggttgtagc240
 taagaattgg gcttctgaca tacattcttt ttaattcttt tcgtattggg ttttatagca300
 15 ctaaaccctaa tttctaacat atttttacac ctgaaatcta cattctaata taaaggtttt360
 tttttataac gttcctaaaa tttcaggccc tcagcaggca gtttttgtcc cagttttctt420
 caacag 426

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 71:

- 20 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 1417 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 25 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

30 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
 35 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 71

gccaaccttc cctcccccaa ccttggggcc gccccagggt tcctgcgac tgccgtgtcc 60
 45 tcctgggtgt cactggcagc cctgtccttc cttagaggac tggaacctaa ttctcctgag 120
 gctgagggag ggtggagggt ctcaaggcaa cgctggcccc acgacggagt gccaggagca 180
 ctaacagtac ccttagcttg ctttcctcct ccttcctttt tattttcaag ttctttttta 240
 tttctccttg cgtaacaacc ttcttccttt ctgcaccact gcccgtaacc ttaccgcccc 300
 cgccacctcc ttgtaccccc actcctgaaa ccacagctgt tggcagggtc cccagctcat 360
 gccagcctca tctcctttct tgctagcccc caaagggcct ccaggcaaca tggggggccc 420
 50 agtcagagag ccggcactct cagttgccct ctggttgagt tggggggcag ctctgggggc 480
 cgtggcttgt gccatggctc tgctgaccca acaaacagag ctgcagagcc tcaggagaga 540
 ggtgagccgg ctgcagggga caggaggccc ctcccagaat ggggaagggt atccctggca 600
 gagtctcccg gagcagagtt ccgatgccct ggaagcctgg gagagtggg agagatcccg 660
 gaaaaggaga gcagtgtca ccaaaaaaca gaagaatgac tccgatgtga cagaggtgat 720
 55 gtggcaacca gctcttaggc gtgggagagg cctacaggcc caaggatatg gtgtccgaat 780
 ccaggatgct ggagtttata tgctgtatag ccagggtcctg tttcaagacg tgactttcac 840

catgggtcag gtggtgtctc gagaaggcca aggaaggcag gagactctat tccgatgtat 900
 aagaagtatg ccctcccacc cggaccgggc ctacaacagc tgctatagcg cagggtgtctt 960
 ccattttacac caaggggata ttctgagtgt cataattccc cgggcaaggc cgaaacttaal020
 cctctctcca catggaacct tcttgggggtt tgtgaaactg tgattgtgtt ataaaaagtgl080
 5 gctcccagct tgggaagacca ggggtgggtac atactggaga cagccaagag ctgagtatat1140
 aaaggagagg gaatgtgcag gaacagaggc gtcttcctgg gtttggctcc ccgttcctca1200
 cttttccctt ttcattccca ccccttagac tttgatttta cggatatctt gcttctgttc1260
 cccatggagc tccgaattct tgcgtgtgtg tagatgaggg gcgggggacg ggcgccaggc1320
 attgttcaga cctggtcggg gccactgga agcatccaga acagcaccac catctaaccg1380
 10 ccgctcgagg gaagcaccgc gcggtttggg cgaagtc 1417

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 72:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 15 (A) LÄNGE: 691 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 20 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 25 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:
- 30 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 72

35 ctgccttccg gtgcgtcgtt tacgccagtt tgaaccaaag acgccaagg ttgaggccga 60
 gtccagagc atgggggtctc ggttgtccca gccttttgag tccatatca ctgcgcctcc120
 cgttaccgcc gccgcgccgc ccaaacctgc gcccagct acaccggag cgcggacctc180
 cccagcagaa caccgcctgt tgaagacctg ctggagctgt cgcgtgcttt ctgggttggg240
 gctgatgggg gcgggcgggt acgtgtactg ggtggcacgg aagcccatga agatgggata300
 40 cccccgagt ccatggacca ttacgcagat ggtcatcggc ctcagcattg ccacctgggg360
 tatcgttgtc atggcagacc ccaaaggga ggcctaccgc gttgtttgaa agtaccacca420
 gtgaatctgt cttctgtctc tgtccctttc cccgtgacac acagagcagg catggaattt480
 aatgggtgtt ctggacagac acttgtacat ggacagacat cactactgtg gatactacaa540
 gactgaaaag aaaatcgtat gttgtcattc tctggctatg gactgtttgt ggccttcaca600
 45 gatttcacag gaaccaataa atccctcaga gaagtaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa660
 aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa a

691

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 73:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 50 (A) LÄNGE: 1705 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 55

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 73

```
gattcggcat gaggacagag ccctttttga aaataaattg gcattggagt gttttaccct 60
ctagctgttt tacttagaat gtaacatatg ctgcctaccc acctcaaat gtctgtactg 120
caagagggcc ctgggcctct gctttccata ttcacgtttg gccagagttag tagtcccaaa 180
20 gaagagcatg ggtggcagat ggtagggaat tgaactggcc tgtgcaatgg gcatggagca 240
caaggggtca cagcatgcct cctgccttac cgtggcagta cggagacagt ccagaacatg 300
gtcttcttgc cacggggtgt tgttgtctct ggtgggtctg catgtctgtg gctcaccttt 360
attcttgaaa ctgaggttta cctggatctg gctactgagg ctagagccca cagcagaatg 420
gggttgggcc tgtggccccc caaactaggg ggtgtgggtt catcacagtg ttgccttttg 480
25 tctcctaaag atagggatct acttttgaag ggaattgttc ctcccaata aatttgcttt 540
accttggctc tttcttttgt gccagtattc aagtgggata gctctgagca gggtcacatt 600
tgcccaaac tgacactgtc ttgctgcatt ctctttggc aaacatcagg gtcagaattc 660
aggatagccc ttcctagggc actggacttt ctggcatggg ggctgtgttt gcacaagtta 720
ttttcatgtt acctggagag tgtccagagg ctgctctgag gctgagggtg gttccccctt 780
30 gcctggttcc agctgtcaga gggataccat cctaggggtct gggaatccaa ggccacgaga 840
ctccttggtt tgttggtccga gatcctgtac taaggagggt ctggccagag gaacagacca 900
gcttttgcac aatgaagcgc aagggaacaa gtggtttgcc tgggtgtccta cctgtcctga 960
acctggctct gtgggccatt gaaaagttag atctgtgatc tctgggggtt ttgtggcttt1020
gttcaatgct tccactctag ggcaggcaga gcagtctata ctctcccaag cctgcttgac1080
35 ctccaagtag agctgataca gagatctgtg aatattgtga tagaaattct ttggtattca1140
tacatttcag ctgcaagtca gcaatttccc aggtaccatg taagctataa aacagtcatt1200
cttaagaca gaggatagct gtgactcatg ggatcatgag gtccatggct ggttgcaggt1260
tccctttttc ctccctcagg ttttgtctct tctgtgtgtg tccccagcaa gggagagact1320
gtggggtgga ttgggagaac agattaggag tatagcaaat gaaccagaa tggaaacagt1380
40 gggagctaac tgtgaatgag gagagtacct gctgcaggac ctggagggtca ggtgtgaatg1440
ctgtattggc acagggaata aatatcctgg cgtctggagc cttcacctct ccgtcaagtc1500
cttcctgtga tactgccatg gcacaggatc tgagttgcag ctctgcaccc taaatcacac1560
cctgggcatg gtctgggctg cagggtctgc aggttctgta cttgtgtcca gctgtggccc1620
tggtatgccg aaactgggag ggggttcttg tgcccagaat gtagcctgta acgcttgggc1680
45 gccttttaaa gccccccctg ggccc 1705
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 74:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

50 (A) LÄNGE: 1516 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

55 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 74

```
15 gtttattctt agtagttgga actaatgtag tctgactaaa atacacatgg gtgtctgctc 60
   tgtgatgttt aaacttatct gttttgtttg gttttcatTT caggaagcag aagtgcagc 120
   aaagcagcaa gcatgaacct taagcactgt gctttaagca tcttgaaaaa tgagtctcca 180
   ttgcttttat aaaatagcag aattagcttt gcttcaaaag aaataggctt aatggtgaaa 240
   taatagatta gttgggtttt cacatgcaaa cattcaaaat gaatacaaaa ttaaaatttg 300
   aacattatgg tgattatggt gaggagaatg ggatattaac ataaaattat attaataagt 360
20 agatatcgta gaaatagtgt tgttacctgc caagccatcc tgtatacacc aatgatttta 420
   caaagaaaac acccttccct ccttctgcca ttactatggc aacttaagtg tatctgcagc 480
   tctacattaa aaaggagaaa gagaaataac ctgtctctca ttcctaagtt gcctcattaa 540
   ttttcatgaa caagaatatg tacctttttg atgctatatt actgcgatta aaaagttctt 600
   gcaggtaatg tttatgatat gttaaacggt gtaatttctt atcgtaatta taacattccc 660
25 attcttttgt agatgaaact tctacatatt gaaccacaga ttttctgagc ttctaaatgt 720
   agcctttcat tgcacatttc agtgatcaga atagatatcc ttttacacgc acaaaagcaa 780
   tagattcatt cagtggacaa gttccttgtt taactacaca gctatgatgg aatgatatat 840
   ccaagttcct tgcctcagtg aaatatgcat atgtatatca tgaaagtggg atgccaagta 900
   agcttaaaat ggcattctct agcaaaagaga ttagactttt aaataactct tataaaacag 960
30 gttggcgatc atttcccaag attggtttcc cttgagtttt tgctaaaaca aatcttagta1020
   gttttgcccg tttaaaacaa ctcacaatcg taaatgctac tattcctaag atatcttacc1080
   tttttatttc agtttagcca tgtattgtat gagtgtatta gtctaagcag tgagaatctt1140
   ttctatgcct ctattccagc aaaaagtaga agtatcaaat aaaaagggca acttttaaaa1200
   tattaagcct gaagacttct aaaaagacaa gaaacatggc ctataataacc aacatagatt1260
35 tacatagtaa gtttcacact accttattac caaaagcaaa cacctcttac tttaaactac1320
   attatcatgt atatctattg tatgctggtc tttacttttt gccaaaatca acatataatg1380
   aagagatgcc tttgtttcat gagattcaaa cttgatgcta tgcttttaaa taaactcagt1440
   acttttagaa acataaaaaa aaaaaaaaaa aggcgacccc ccgagtagtg ggcccgcgc1500
   cggggatttt tccggg 1516
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 75:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

45 (A) LÄNGE: 1490 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

55

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

5 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 75

10 gaataaaggg ctggccagac ccagtggcgt cctttccag acctttcttg gcacaaagcc 60
tttgcctgect ggcttgagg ccctgcggcc tacattctct ggacccact atgtgcctgg 120
caaagggcta gtgccttgag gaaactgagg tagctgggtt ggtccccttc caggaattca 180
gagtctgggtg gcaggggcat gggaaataga cagatgtaat tctatagcct gggcctggca 240
ccctccacct ccacgcccc ccagcattgc cttacgcctc ccttgcccca cgttagatgg 300
15 tttcttccgg ttttgcactc tggctgcccc ttggagtctc ctggggagct gtaatatctc 360
tttgagagatt cagattgagc tggcttaggt tgtggcccag gcattgggca ttttggaagc 420
ccccagggtg tttcagcttg cagccaggcc gagagagagc ccctgagtca gatccccatg 480
gtttaggcac acctagcggg aggggtggct cctggacccc accgtgggtg gagagctgag 540
catgtgtgtg gcttttagtg ggtctgttag ttatgggggt ctgggcactg gagctgcagg 600
acacttggga tcccaggta gaaagggcca gatgagcaac taggaaagac ttggggggcca 660
20 gggcgagtg gggtcacctg acactcttgt gaggccctt ctagtgctg ctcacaccgg 720
aatttcattc actccaagaa gccatcaggg gtaagatacc ttcctttaa cgtaactaag 780
aaagaagagg cctgccgtg acacagtaag atgccattga tctaaagatg cgtcttgatt 840
tcagaaaggt ccggaagtgg aaagcaggtt tcagggtctg tgaggtagag ggttctcctg 900
taggccccag ggtggtctc aggggtgctg agtgcgtgctg tggtaaatgg atggagccca 960
25 ggggcgcctc ctgccagtgt cctccaggca ctcaaacctg gcccttctga agccagacctc1020
acgtgacctc acagccctc ctgaaggcgc ctactgatg acggtgggtg gaataacagc1080
ccccagagat gtccagggtt ggaaccccag gacgtgggaa agtggtacct tgcgtggca1140
aagggaacccg gcgcctgtgc ttcagttcag gatttcgtg tggggagatg accgtggatg1200
gttgaggtg gccctgagta atcatggggg cccttataag ggaaggggag tcacgaggt1260
30 ctgcgcatga agcaaggaa cttctggctg tgaagatggc aagaaggcct ggggccaggc1320
gatgaggtgg cccctggagg agctggaaaa ggcattggat tctgccccag agcctcgtg1380
gagaaacaaa gccgactga caagacttca gcctgggtgaa aaccattttg gactcctgac1440
ctctagaact gtaagataat aaattgggtg ggttttcaac ctctcaaatg 1490

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 76:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2513 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

40 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

55 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 76

```

ctcgagccga ttcggtttca gcagaaagt atggaaaaag aaactgaaaa gcgcatttct 60
gaaatcgaag atgctgcatt cctggcccga gagaaagcga aacaagatgc tgaatattat 120
5 gctgcacaca aatatgccac ctcaaacaag cacaagttga ccccggaata tctggagctc 180
aaaaagtacc aggccattgc ttctaacagt aagatctatt ttggcagcaa catccctaac 240
atgttcgtgg actcctcatg tgctttgaaa tattcagata ttaggactgg aagagaaagc 300
tcaactccct ctaaggaggc tottgaacct tctggagaga acgtcatcca aaacaaagag 360
agcacagggt gatgcaagag gtggaaatgt tctccatata aagatgtggc ccaaggggtt 420
10 aagtgggaac aatcattata cggactcttc agatttacag agaacttaca ctccatctgt 480
tccacctctc ctgcgatagt cctgggtgct ccactgattg gaggatagag ccagctgtct 540
gacacacaaa tggctctttc agccacagtc ttatcaagta tcctatatgt attcctttct 600
aaactgctac tcatgaatga ggaaagtctg atgctaagat actgcctgca ctggaatgtt 660
aaacactaaa tatataacaa gctgtgtttt cctaagctga gatctgttga ataattgtta 720
15 cattcgtccc ccggggaaat gtatgctcag ccaccattca agagatgact gagaaggaga 780
tggtaagttc aagaagactg attgcacctg ggacccaggc cctttctttg ggatccagtc 840
ccagccttca tccatgtgat taagatccag gccgctgaag ttcccaggga aatgatcttc 900
cacttgagca accttttact tgatacgatt tgcaccttcc tgttttcttg cagtcagggt 960
gggtggcctgc agggacctga gctttgctac ccaaccagat tcctcataga gattcctaatt1020
20 cactagtttc ttgtattcat aaactcagag atacagaggg cttggtttga agttggggtg1080
agatgaaacc tttgctctga gccaaagctc tggggccttg cattccctgc attgggttgall140
tgactgtcag catcactgcc gcagcatgct tgactaaggt acctgggttt agccacagcc1200
acctccttgt atgttacctt tcagctcttg ccaagagtgg gacaggggtt taaccacaaal260
taggagcagc atgcaattcc tagtgacttg ctgcacagta ttgtatcata attacaggaa1320
25 gtttttattt ttaaaactgg atctggggta tattcatttg ccccatcacc tctgtctaaa1380
ggcccaagtc ctagggtctg catgggtcaca agcacactga tgctccttaa gattgtttat1440
ctggagccca catagtgtgg aacaaaaagt cacctagaaa gcatccttgg tcatcattgt1500
ctccttccca cctggcccag agatgcttaa atccaagttg tttctccagc tgtcacctcc1560
cccaggagat caggattcca ctgacgtcct gggcagccag tgaatttaat tttccatgag1620
30 aaacaacaga gttaacctgt ggcattagga gacctacttc atgtggacct ttttttct1680
tcagtttaac tttctggag cagtgtgctg cgtagttcgg cctgagtttg tgcagcttg1740
taagacaact cttgtgtacg ctatgttgaa gctcaacaaa aaagtcatgg gaccacttct1800
agaaatcttt cagctgtcag gcctgtcagt ctcatgacag tttgttggtt gtgccaacaa1860
ctttatttgg gaaaggaaaag cccagatttg aatgggtctt tcccctgggc cttatcctat1920
35 agaggcattt gtaatatgga gaaaataatt tttcattttt gctcatttaa ttctataaa1980
tctctttata aatgaatttt gtgttcttta aaagtacttt tgaattataa2040
aaataaaatc tttacctgtc gaattgttgc tgcagatgat tgttgtggaa aatctggatc2100
attgacctct gtgctttcat tcctagagat gttttatagt tacatgagca aaagctgttg2160
ccccaaagtg atggccctgg agggggggct gaggaacagg gaaatgccgc tgtgaagtct2220
40 taaagcactt ctgcttaaac tcccatgtgt gaggagtgtg cctccctgtg ccctctcagc2280
tctgaggctg gcgctcttc ggggtgttcc ttttgcaaaa tatacactgt aatcttgagt2340
ctaaatttat atgttgaaat gctacctttt ttaaaataag aaactaaata aaattatttt2400
actatcaaaa aaaaagaaaag gggaggggaag ggggcggagg gggtaggagg gggggggggg2460
gaagggggggg aggggaatgt ctcgagaggg ggggggtggg ggcgcctgctg agc 2513
45

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 77:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 50 (A) LÄNGE: 1962 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 55 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 77

5
 10
 15
 20
 25
 30
 35
 40
 45
 50
 55

```

accgaaggcc gcccttttc gtctttttt tttttacatt tcaaatatat tttattactt 60
tccatcttag aaagaatatg aaacctgcat gcaatgctaa tggtttctga catgtacata 120
gcatataaca cagcagtaca atgcggcata tactgggggg cagtgtgtgg agggggcggt 180
cttaagggta tatgtacaga ggaaaggcg catggcatc ttagctttcg aaagaggact 240
gcaactgttta acattgaaga attacatggg gaatcacaaa tatattgctt tagtactgca 300
tgttctgttg tggtagggga aagaaacatg ctttgaagggt tttccctgt caacagaatg 360
tgtgtctgta gctgtgtatt gcgcatgtat tcatatatat ttaagttttc tcctaagggt 420
tttgctgaca gtgttgggaa cctcacatgc ttctgaagca ttaaatattg aacctgtgaa 480
cctttcagaa atcctcaggt tgggaaagac cccacacctt ctttaaggat catttgtctc 540
gccatcacag gatcttgaa atgtttccta ggggtgtgaa aaattaacca ggggggaatg 600
aagcacattt ttctggcaac caaacttgag ttctcagag aacagatgca gagagacctg 660
ctcctgcttg cccggctaca ggggccactg tggagtcaca ctgaggctgt gaccggccat 720
aagcccagga gagcccggtg cagctgtgcc gaggcgccag gacctctaag cggaagcttc 780
ccaagctagg aatggagcaa cactgcaatg aaatgtgtcc accaagctca ttgttcctcc 840
cgggcgctta taaagctcag atgtatagtg acgtatggac aaatacaaaa aaaaaaaaaa 900
aaaaaaaaaa aaaaaaagcc ttcttttctc acaggcataa gacacaaatt atatattgtt 960
atgaagcact ttttaccac ggtcagtttt tacattttat agctgcgtgc gaaaggcttc 1020
cagatgggag acctatctct cttgtgtctc agacttcac acaggctgct ttttatcaaa 1080
aaggggaaaa ctcatgcctt tcctttttta aaaaatgctt tttgtatttg tccatacgtc 1140
actatacatc tgagctttat aagcggcccg gaggaacaat gagcttggtg gacacatttc 1200
attgcagtg tgcctcatc ctagcttggg aagcttcctc ttagaggctc tggcgctcgc 1260
gcacagctgc caggggtct cctgggctta tggccgggtc cagcctcagt gtgactccac 1320
agtggccctc gtagccgggc aagcaggagc aggtctctct gcatctgttc tctgaggaac 1380
tcaagtttgg ttgccagaaa aatgtgcttc attccccct ggtaatttt tacacacctc 1440
aggaacatt tccaagatcc tgtgatggcg agacaaatga tccttaaaga aggtgtgggg 1500
tctttcccaa cctgaggatt tctgaaagg tcaacaggttc aatattttaat gcttcagaag 1560
catgtgaggt tcccaacact gtcagcaaaa accttaggag aaaacttaaa aatatatgaa 1620
tacatgcgca atacacagct acagacacac attctgttga caagggaaaa ccttcaaagc 1680
atgtttcttt cctcaccac aacagaacat gcagtactaa agcaatatat ttgtgattcc 1740
ccatgtaatt ctccaatgtt aaacagtgca gtcctctttc gaaagctaag atgaccatgc 1800
gccctttcct ctgtacatat acccttaaga acgccccctc cacacactgc ccccagtag 1860
tacgcaggca ttggtaccgg ctggtgttaa aatggctatg ggacatggtc aggaaccat 1920
ttaggcattg gcattgaggg ttccataatc cgtttctaag ga 1962
  
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 78:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 788 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 78

```

cgttgcccc gccgcgggcg cgagatggat tccgggtgct gggtgttcgg cggcgagttc 60
gaggactcgg tggttcgagga gaggccggag cggcggtcag gaccgcccgc gtcctactgc120
gccaagctct gcgagccgca gtggttttat gaagaaacag aaagcagtga tgatgttgaa180
15 gtgctgactc tcaagaaatt caaaggagac ctggcctaca gacgacaaga gtatcagaaa240
gcaactgcagg agtattccag tatctctgaa aaattgtcat caaccaattt tgccatgaaa300
agggatgtcc aggaaggtca ggctcgggtg ctggctcacc tgggtaggca tatggaggcg360
ctggagattg ctgcaaaact ggaaaataaa gcaaccaaca cagaccattt aaccacggta420
ctctacctcc agcttgctat ttgttcaagt ttgcagaact tggagaaaac aattttctgc480
20 ctgcagaaac tgatttcttt gcatcctttt aatccttgga actggggcaa attggcagag540
gcttacctga atctggggcc agctctttca gcagcacttg cgtcatctca gaaacagcac600
agtttcacct caagtgacaa aactatcaaa tccttctttc cacactcagg aaaagactgt660
cttttggtgt ttcttgaaac cttgcctgag agctctttaa ttttctgtgg aagggatacg720
aggaatggca ggaaaattgg gaagttttgc aaatgtgcc aacctggttg agaaagggg780
25 acaggttt
788

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 79:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

30 (A) LÄNGE: 299 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

45 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 79

```

aacctccctc gaggggaattg atcttcagcc ctcccacctc acaatctaca cagcagcctt 60
gaaggaaaag acgccagact tcagacgtct ctctcctcgc gtctcggaga ccgaggactc120
ccgtaaggtc gcccggtggc cccgatttgt aatgcgggac aacccgggc gcgggggtga180
tcataggggt ctccaggcgc cggggtggat gaaggagggt cggggatggg gggttttgta240
55 aagggggctg tagaaggcgg aaggaaggat gaaatttggg aggggggggg gggggtcac 299

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 80:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 2263 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

20

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 80

25

```

attacgacaa ctcttctaca tgtaagaaa gaaagggtatt ccctgggaag atttcagtga 60
cagtatcaga aacatttgac ccagaagaga aacattccat ggcctatcaa gacttgcata 120
gtgaaattac tagcttggtt aaagatgtat ttggcacatc tgtttatgga cagactgtaa 180
ttcttactgt aagcacatct ctgtcaccaa gatctgaaat gcgtgctgat gacaagtttg 240
ttaatgtaac aatagtaaca attttggcag aaaccacaag tgacaatgag aagactgtga 300
ctgagaaaat taataaagca attagaagta gctcaagcaa ctttctaacc tatgatttga 360
cccttcggtg tgattattat ggctgtaacc agactgcgga tgactgcctc aatgggttag 420
catgcgattg caaatctgac ctgcaaaggc ctaaccaca gagcccttcc tgcgttgctt 480
ccagtctcaa gtgtcctgat gcctgcaacg cacagcaca gcaatgctta ataaagaaga 540
gtgtggtggg ccctgagtgt gcgtgcgtgc ccggctacca ggaagatgct aatgggaact 600
gccaaaagtg tgcatttggc tacagtggac tgcactgtaa ggacaaattt cagctgatcc 660
tcaactattg gggcaccatc gctggcattg tcattctcag catgataatt gcattgattg 720
tcacagcaag atcaataaac aaaacgaagc atattgaaga agagaacttg attgacgaag 780
actttcaaaa tctaaaactg cggctcgacg gcttcaccaa tcttgagca gaaggagcg 840
tctttcctaa ggtcaggata acggcctcca gagacagcca gatgcaaaat ccctattcaa 900
gacacagcag catgccccgc cctgactatt agaatacata gaatgtggaa cccgccatgg 960
cccccaacca atgtacaagc tattatttag agtggttaga aagactgatg gagaagttag 1020
caccagtaaa gatctggcct ccggggtttt tcttccatct gacatctgcc agcctctctg 1080
aatggaagtt gtgaatggtt gcaacgaatc cagctcactt gctaaataag aatctatgac 1140
attaatgta gtagatgcta tttagccttg tcagagaggt ggttttcttc aatcagtaca 1200
aagtactgag acaatggtta ggggtgtttt cttaattctt ttcttggtag ggcaacaaga 1260
accatttcca atctagagga aagctcccca gcattgcttg ctcttgaggc aacattgctc 1320
ttgagtttaag tgacctaat cccctgggag acatacgcat caactgtgga ggtccgaggg 1380
gatgagaagg gatacccacc accttcaag ggtcacaagc tcaactctctg acaagtcaga 1440
atagggacac tgcttctatc cctccaatgg agagattctg gcaacctttg aacagcccag 1500
agcttgcaac ctagcctcac ccaagaagac tggaaagaga catatctctc agctttttca 1560
ggagggctgc ctgggaatcc aggaactttt tgatgctaag tagaaggcct ggactaaaaa 1620
tgtccactat ggggtgcact ctacagtttt tgaaatgcta ggaggcagaa ggggcagaga 1680
gtaaaaaaca tgacctggta gaaggaagag aggcacaagga aactgggtgg ggaggatcaa 1740
ttagagagga ggcacctggg atccaccttc ttcttaggt cccctcctcc atcagcaaaag 1800
gagcacttct ctaatcatgc cctcccgaag actggctggg agaaggttta aaaacaaaaa 1860
atccaggagt aagagcctta ggtcagtttg aaattggaga caaactgtct ggcaaagggt 1920

```

gcgagagggga gcttgtgctc aggagtcacg ccgtccagcc tcgggggtgta ggtttctgag1980
 gtgtgccatt ggggcctcag ccttctctgg tgacagaggc tcagctgtgg ccaccaacac2040
 acaaccacac acacacaacc acacacacaa atggggggcaa ccacatccag tacaagcttt2100
 tacaagtgtt attagtgtcc ttttttattt ctaatgcctt gtcctcttaa aagttatttt2160
 5 atttgttatt attatttgtt cttgactgtt aattgtgaat ggtaatgcaa taaagtgcct2220
 ttgttagatg gtgaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaa 2263

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 81:

10 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1284 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 81

aaaaatgggc taaactagct ccagagaact tgtgaattct ttgctaaagc ctctggcaaa 60
 aacggcattt gatgaagcaa ttgctgaatt ggatacgtg aatgaagagt cttataaaga 120
 cagcactctg atcatgcagt tacttaggga caatctcact ctgtggacat cggaaaacca 180
 35 gggagacgaa ggagacgctg gggagggaga gaactaatgt ttctcgtgct ttgtgatctg 240
 ttcagtgtca ctctgtaccc tcaacatata tcccttgtgc gataaaaaaa aaaaaaaaaa 300
 aaaaaagagt cgtacgtcga ctttcgattt ttcacagcct cagcctagga aaaatggttc 360
 atgggataaa cagctggtat ttgtatctaa aactcagatt ggtcacataa atgccacggc 420
 attccgaagt tttgattttg attaacattg acaggattac tgtgtgttta attttttaa 480
 40 aactgaacac tgtgattatg gggttttgta atttagcaga actcttactg gtagaaaaaa 540
 tagacctgaa ttatgtgtaa ctttttgtaa ggtttaatct gatatcaaaa taatcattga 600
 aatacaattc cattgtaaag ttgtacagaa agttatagag attatattgt gatgctggaa 660
 cttggagtga gacacacatc atttggcatt tgagttgaat ggtaattcac agtaatgctg 720
 ccgttggtcg ggacttaaaag acacttgacc tgtttgggct gttgccactt aaaagtccat 780
 45 gaccacaaat gtocacagtg tcttcctctg aggaaactcg aatcctgaaa tggaaattct 840
 ttgtggcaga taactggctt atgacacctt gaaaagtcca agtgctcata taacacacca 900
 cactgaaccc cctttcctac agcaatatgt tcactatgtt accaatttgc aacttgtgct 960
 tcaatagtgg aatctacttt cattgttaac actgagctaa agaaaaaaag ccgtgtgttt1020
 tatgaatgac cttatctgtt tcctggataa tacctttaag aataatgtcc tgagtcaggc1080
 50 gtgggtgggtg gtgcactctag tcccaactat ttgggaggct gaggcaggag gatcgcttgall140
 gccaggagt ttaaagctgc agtgccctgt ggttgcacct gtgaataact gcaactccagc1200
 ctgggcaaca tagcgagacc tcacttccaa aaaagaaaaa aacacaaaag gatgtgtctg1260
 taagaggctt ccctggggga ccag 1284

55 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 82:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1335 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

5 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

10 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

15 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

20 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 82

```

gggtgacata atgacagggtt aaatatttgt gattcattga ttaaataatta tttaaagaaa 60
tgtaaaattca caataagggtt tgaaaattat ttggtttcat ccattgtctc ttatttcagg 120
25 accaagcagc aaactgcagt agtttgtgaa ggattctaata atgggggttca ggaatagcct 180
ctcaacgcta ctaattcaga tctctcccag agaactactg gatttcctca taattgacaa 240
acatgagtga ccacctcttt gggtggctac tgtagaaaat ggctgtgtgc atgttttctg 300
gacttttgcca gccaacagat ccctgccagg ttttggaat acttctatta cctcgctgct 360
acttttctgc agggataaaa cttttgaggt ggccagacc agaacatcca aggattcctg 420
30 ttacagtgc acagtataca ctgctcattt atcctattct catgtgcttt cttctttagt 480
aagattattt taagaaaata agtgatattt aaagtccaaa gaggaatgat cacagttgta 540
taaggggtgt tttcccactt gaactctgat gtcagtcgac tgtgggtcag agctacaacc 600
atctgttttg tttgatgttt tgggtggtta cttacggagt ggggatagtg tgagacctaa 660
ttccctgtgc aaatgtctct tattccagaa atgtgcattt tgtcatctat aagcaagaaa 720
35 tatgggcata gcagctcttg gtttaaagtt tgccataacc tgttcattgt tgttttaagc 780
tcaggtaaag ataacctcct ctttctatga ctccagtttc cattcagggt atagtattat 840
tcaatagttg attttctttt taagctgggc aataaattga tgtttccaga tggtaacatg 900
ggagagggca tataggataa agatgagcaa attctaccct aaaaatgttc tagtagttca 960
caggaagaag atgaggttta ataacttca aggtaattct agattgacat tttgagggga 1020
40 aaatgggctc ttgttctagt tgaagtgagc agagaaggct ataaattaat atgtaactta 1080
cagcattcca gaggttaaaa ataactgat cagatgtact tcttcagtgt gattcttcag 1140
atcaaaactt tacttttggc atagttaatt tcagaaaaat gtgctgtatg tgtgtgtgta 1200
tgaggggttg tcttgcgtgat ccttcagtta gctctaaatt ctggcaactc cttgtaattc 1260
ccatgtattt gataccatga accaatcatg ttgaatgcgt ttggtgatct ggggagcctc 1320
45 ccccgctcttc ccagg
1335

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 83:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

50 (A) LÄNGE: 1890 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

55 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 83

```

15  ggcttgtggc ggctctgcca caggggcagg tgttgagggg ctcccggtcc ggctgccgcc 60
    gctcccccgc tccggaccgc gggctcccc tagcgccgct gaggagccgc ctctgccggtc 120
    caggagggcg caggagcgcg actgagagcg cctggaggct cgagcagagg atagaaggac 180
    aaggacagaa tcaccagcac tggctgaagg taccttaaca tggggaatct tcttaaagtt 240
    ttgacatgca cagacottga gcaggggcca aattttttcc ttgattttga aaatgccag 300
20  cctacagagt ctgagaagga aattttataat cagggtgaatg tagtattaaa agatgcagaa 360
    ggcattcttg aggacttgca gtcatacaga ggagctggcc acgaaatacg agaggcaatc 420
    cagcatccag cagatgagaa gttgcaagag aaggcatggg gtgcagttgt tccactagta 480
    ggcaaatata agaaatttta cgaattttct cagaggttag aagcagcatt aagaggtctt 540
    ctgggagcct taacaagtac cccatattct cccacccagc atctagagcg agagcaggct 600
25  cttgctaaac agtttgcaga aattcttcat ttcacactcc ggtttgatga actcaagatg 660
    acaaatcctg ccatacagaa tgatttcagc tattatagaa gaacattgag tcgtatgagg 720
    attaacaatg taccggcaga aggagaaaat gaagtaaata atgaattggc aaatcgaatg 780
    tctttgtttt atgctgagcg aactccaatg ctgaaaacct tgagtgatgc cacaacaaaa 840
    tttgtatcag agaataaaaa tttaccaata gaaaatacca cagattgttt aagcacaatg 900
30  gctagtgtat gcagagtcac gctggaaaca ccggaataca gaagcagatt tacaatgaa 960
    gagacagtgt cattctgctt gagggtaatg gtgggtgtca taatactcta tgaccacgta1020
    catccagtgg gagcatttgc taaaacttcc aaaattgata tgaaaggttg tatcaaagtt1080
    cttaaggacc aacctcctaa tagtgtggaa ggtcttctaa atgctctcag gtacacaacall140
    aacatttga atgatgagac tacctccaag caaattaaat ccattgctga ataacaattc1200
35  tggataaagc acctgctgta gacagaagac agtattctgc aatgactgag aatgcagttt1260
    tttagtgtat gcaattacta tctcatttat tcttgctttt atttctttcc tctgttctct1320
    ttccctcttt tttaatcatg ttcttaagac ttcttttctg tgccaaaatc agtaaagttal1380
    cactctgaag ggatatcatc ctttcaaacg ggccatctaa ggcagctaat tatgcattgc1440
    attgggtgtc ctactgagaa aaattctgtg acttgaacta aatattttta aatgtggatt1500
40  ttttttgaaa ctaattttta atattgcttc tctgcatgg caaaaactgcc tattctgcta1560
    tttaaaaacc ctcaatgact ttattttcta ctgccgcctt tttcatgtgc aaccaaattg1620
    aaaatgttta aattaactgt gttgtacaaa tggtaaccaa cacaaacttt ttttaaatta1680
    gtaatacttt tgtttaaagt ttttaagttg cattttgact ttttttgtaa ggatgtatgt1740
    tgtgtgttta acctttatta actaacgtta aaagctgtga tgtgtgcgta gaatattacg1800
45  tatgcatgtt catgtctaaa gaatggctgt tgatgataaa ataaaaatca gcttttcattt1860
    ttctaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa

```

1890

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 84:

50

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1829 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 84

```
15  gaccaacctg acgcagatcg agctgcgggg caaccggctg gagtgcctgc ctgtggagct 60
    gggcgagtgc ccactgctca agcgcacggc ttggtggtgg aggaggacct gttcaacaca 120
    ctgccaccgg aggtgaagga gcggtgtggt agggctgaca aggagcaggc ctgagcgagg 180
    ccggccccagc acagcaagca gcaggaccgc tgcccagtc tccaggcccg aggggcaggc 240
    ctagcttctc ccagaactcc cggacagcca ggacagcctc gtggctgggc aggagcctgg 300
20  ggccgcttgt gagtgcaggc agagcgagag gacagtatct gtggggctgg ccccttttct 360
    ccctctgaga ctcacgtccc ccagggcaag tgcttgtgga ggagagcaag tctcaagagc 420
    gcagtatttg gataatcagg gtctcctccc tggaggccag ctctgcccc ggggctgagc 480
    tgccaccaga ggtcctggga cctcacttt agttcttggg atttattttt ctccatctcc 540
    cacctccttc atccagataa cttatacatt cccaagaaag ttcagcccag atggaagggt 600
25  ttcaggaaaa ggtgggctgc ctttccctt gtcccttatt tagcgatgcc gccgggcatt 660
    taacacccac ctggacttca gcagagtggg ccggggcgaa ccagccatgg gacggtcacc 720
    cagcagtgcc gggctgggct ctgcggtgcg gtccacggga gagcaggcct ccagctggaa 780
    aggccaggcc tggagcttgc ctcttcagta tttgtggcag ttttagtttt ttgttttttt 840
    ttttttaatc aaaaaacaat ttttttaaaa aaaaaagctt tgaaaatgga tggtttgggt 900
30  attaaaaaga aaaaaaaaaa ttaaaaaaaaa aaagacacta acggccagtg agttggagtc 960
    tcagggcagg gtggcagttt cccttgagca aagcagccag acgttgaact gtgtttcctt1020
    tccctgggcg cagggtgcag ggtgtcttcc ggatctgggt tgaccttggg ccaggagttc1080
    tatttgttcc tggggaggga gttttttttg gtgtcttgtt ttctttctcc tccatgtgtc1140
    ttggcaggca ctcatctctg tggctgtcgg ccagaggga tgttctggag ctgccaaggal1200
35  gggaggagac tcgggttggc taatcccccg atgaacggtg ctccattcgc acctccccctc1260
    ctctgacctg cctgcctct ccacgcacag tgtaaggag ccaagaggag ccacttcgcc1320
    cagactttgt ttccccaccg cctgcggcat ggggtgtgtc agtgccaccg ctggcctccg1380
    ctgcttccat cagccttgtc gccacctggt ccttcagaa gagcagacac ttagaggctg1440
    gtcgggaatg gggaggtcgc ccctgggagg gcaggcgttg gttccaagcc ggttccgctc1500
40  cctggcgccct ggagtgcaca cagcccagtc ggcacctggg ggctggaagc caccctgtct1560
    tagatcactc ggtccccac cttagaaggg tccccgcctt agatcaatca cgtggacact1620
    aaggcacgtt ttagagtctc ttgtcttaat gattatgtcc atcctgtctg ccgtccattt1680
    gtgttttctg cgtcgtgtca ttgatataa tcctcagaaa taatgcacac tagcctctga1740
    caaccatgaa gcaaaaatcc gttacatgtg ggtctgaact tgtagactcg gtcacagtat1800
45  caaataaaat ctataacaga aaaaaaaaaa
                                     1829
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 85:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

50

(A) LÄNGE: 2358 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

10 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 85

cgaaacgccg cggagtggagg cagttccgct ggctagtgtg tacgcggcga gcttctcccg 60
15 gcgcgcgccg ctcggctccc atagcgcccg cgacagggtc cggacgccgc ccgaacatgg 120
actccgcccg ccaagatata aacctgaatt ctccatacaa aggtctgtct tctgactcca 180
tgacggatgt tcctgtcgac acagggtgtg ctgcccggac tcctgtgtgt gaggtctga 240
cagaggctga ggaggaggag ctccagggtg agcttaccac ggtggaagag gaaattgtca 300
ctctgcgcca ggtcctggca gccaaaggaga ggcactgtgg agagctcaag aggaggctgg 360
20 gcctctccac cctgggggag ctgaaacaga acctgtccag gagctggcat gacgtgcagg 420
tctctagcgc ctatgtgaaa acttctgaga aacttgaga gtggaatgag aaagtgacct 480
agtcagacct ctacaagaag actcaggaaa ctctttcaca ggcaggacag aagacttcag 540
ctgcccgtgc cacagtgggc totgccatca gcaggaaagt tggagacatg aggaactctg 600
cgaccttcaa gtcgtttgag gaccgagttg gcaccataaa gtctaagggt gtgggtgaca 660
25 gagagaacgg cagtgacaac ctcccttcct cagcggggag tggtagacaag cccctgtcgg 720
atcccgacac tttctaagcc tgtggtgtgt tcaccgctg cagagcacac gcaacccagc 780
ctcagcatca cagccgcagc tctgttcagc ggagcagcca gccaggcgcg atgagcagag 840
ccggccctga ggacagtcct gcccatccac gcggagatgt ggctgcccg tttgcatgaa 900
30 tttgaagaac acaggcttgt acacagatgt tttacactca cgtttgtaga tgaaacagat 960
cactgtgtctg tccttcctag ggggtcagga agtggacagg gcggagggtt tgaaagaata 1020
ttgagccaaa gccaggctc cctttgggaa tcatgttagc ccatcagaat gttgaaggat 1080
tgaagagttc taagcataaa ataagtggca tttctgact tcttcctcct cctccttccc 1140
tgactcacag aaggaatgca atcaccacagc aagtcctacc tgttacgcaa ttttttatct 1200
caaatgccg aacgagaaaa ctgtccattt tctgagaccc ccagaaagga aactgacctt 1260
35 cagcagctgc ctgattgtta cgcgaatcta gctttaacgg aagcaaattc attatttttt 1320
aaatgcagtg gacttttcaa aaagttaaaa ttaggcaaa cagcttttagc ctcatagaat 1380
attattttct tggactcaag ctgaaataca agccttacct tgccttatgc tttattttct 1440
tctaattttt atatgtatat agatgagggg tccttaattg ttgtgagcat tgtgtggaat 1500
tttacacctg gcctgcgtgg cagcctcttc cagttgaggt gttttatgtc acgcacactc 1560
40 catccagtg taaaaacct gcttctcttc tcaaccgtgg cagctcccg tggctcctat 1620
gccctgccct aaagggtct ttagcctctg ggaatgggag gggccaagag aaggaaaaac 1680
gtgtctttag caccctttaa aagaactgtg ccccccttc cagtgtctgc tttgcatggg 1740
cctggcccgg ctgcattcg tcagtgaact caacctcct gcttgctgta cttgggatga 1800
aacgaccca caggtcaggt ggagggtggg gcgtgggcat cagccaggat tgccgttaca 1860
45 gtctttttct caggagctac aaagatctct tcctgttact aaatggctgc accccagcag 1920
cctctctcgc acaccggggc cctgcatgtc agatggcgtg gtctgcaggg ggagctctgt 1980
gccttagtgg ctcttggcag gacactgagg gcctgcctgt ggtgtgcccg gctctgccac 2040
tcccgggagg ggaagggtct ctcagctcaa ggtgtcctgt tcggtagagc aagtgtcctc 2100
tgacagccgt gtccccggac agttcagaca ccttgggga tggcactcca cacacgacag 2160
50 agatgcaggg gccagggaag cccagcgtc ggtgccttc gtccagggtt aaaaatcgcc 2220
tgtggggtgt ggtgagaagg caggtgtgtc ggggtgtgac cgatgtatct tttccttaaa 2280
gttattataa taatgggtaa tttgtcaata aagcattcct ttgggggaaa aaaaaaaaaa 2340
aaaaaaaaa aaaaaaaa 2358

55 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 86:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1646 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

10

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

15

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 86

20 cagctgcgga actgcgcgat tgtggttccc gccgtatttc ccgttcccca tctagtaact 60
cccattctcag cccacgtatc tccctgagtg gaaatctcgg gccccagacc agtcgattgg 120
gaggtccgcc ctccccctca gcgacttggg ctgtgttttg gcagttgccg cgacaacagt 180
cacttccggg aagggggtct gcgaatctcc ttccgtcggg ccgctcagaa tcagctgtcc 240
tctcagactg tgtgggtggg ttccccggcc gcagctcggg acgggcttgg attgctgggc 300
25 ctgggtgcac cccagcctcc cccactcggg ttctgagctt gagctggcgg ctctttaact 360
ctgcttcaact gttgctcttg gcaacatcca ctcccgagg cgagtgcggg ttccccgct 420
caccgcgggc tagggagcgt gggattccgg actgtgagcg gctgttagtg cgtcgcagct 480
gctggcgatc cggcgaccct cggccggcag gaccgcggg ccacgcagcc ggggccttct 540
caacgcctca gtacctcggc gggaccgcca tggttctgct gcacgtgaag cggggcgacg 600
30 agagccagtt cctgctgcag gcgcctggga gtaccgagct ggaggagctc acggtgcagg 660
tggcccggtt ctataatggg cggctcaagg tgcagcgctt ctgctcagaa atggaagaat 720
tagccgaaca tggcatattt ctccctccta atatgcaagg actgaccgat gatcagattg 780
aagaattgaa attgaaggat gaatgggggtg aaaaatgcgt acccagcgga ggtgcagtgt 840
ttaaaaagga tgatattgga cgaagggaatg ggcaagctcc aaatgagaag atgaagcaag 900
35 tgttaaagaa gactatagaa gaagccaaag caataatatc taagaaacaa gtggaagccg 960
gtgtctgtgt taccatggag atggtgaaag atgccttggg ccagcttcga ggcgcggtga 1020
tgattgttta ccccatgggg ttgccaccgt atgatcccat ccgcatggag tttgaaaata 1080
aggaagactt gtcgggaaca caggcagggc tcaacgctcat taaagaggca gaggcgcact 1140
gtggtgggca gccaaaggagc tgagaagaac gaagaagctt tcagactacg tggggaagaa 1200
40 tgaaaaaacc aaaattatcg ccaagattca gcaaagggga caggagctc cagcccagaa 1260
gcctattatt agcagtggag agcagaagca gctgatgctg tactatcaca gaagacaaga 1320
ggagctcaag agattggaag aaaatgatga tgatgcctat ttaaactcac catgggcgga 1380
taacactgct ttgaaaagac attttcatgg agtgaaagac ataaagtggg gaccaagatg 1440
aagttcacca gctgatgaca cttccaaaga gattagctca cctttctcct aggcaattat 1500
45 aatttaaaaa aaaaaaaaag gccacttact gccctctgta aaagatgtta acatttctag 1560
ttttctttta gtgtgaattt ttaaaatagc agttattcaa ggtttttagaa cttaataaat 1620
acctagtcag aagaaaaaaa aaaaaa 1646

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 87:

50

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 3096 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
55 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 87

gcgggtgacg cgacgacggc tcgacacttt gctacggagt gcatcggacg tcgaagccta 60
gagttctctgc gtctttccct ctcccgctgc ctcatcctt tccttcctag ccttggtcgt 120
cgccgccacc atgaacaaga agaagaaacc gttcctaggg atgcccgcgc ccctcggtta 180
20 cgtgccgggg ctgggcccgg gcgccactgg cttcaccacg cggtcagaca ttggggccgc 240
ccgtgatgca aatgacctg tggatgatcg ccattgcacc ccaggcaaga gaaccgttg 300
ggaccagatg aagaaaaatc aggtctgctga cgatgacgac gaggatctaa atgacacca 360
ttacgatgag ttaaatggct atgctgggag cctcttctca agtggaccct acgagaaaga 420
tgatgaggaa gcagatgcta tctatgcagc cctggataaa aggatggatg aaagaagaaa 480
25 agaaagacgg gagcaaaggg agaaagaaga aatagagaaa tatcgtatgg aacgccccaa 540
aatccaacag cagttctcag acctcaagag gaagtgggca gaagtcacag aagaagagt 600
gctgagcatc cccgaggttg gcgatgccag aaataaacgt cagcggaaac cagctatga 660
gaagctgacc cctgttctct acagtttctt tgccaaacat ttacagaccg gagagaacca 720
tacctcagtg gatccccgac aaactcaatt tggaggtctt aacacaccct atccaggtgg 780
30 actaaacact ccatacccag gtggaatgac gccaggactg atgacacctg gcacagtgg 840
ctggacatga ggaagattgg ccaagcgagg aacactctga tggacatgag gctgagccag 900
gtgtctgact ccgtgagtg acagaccgtc gttgaccca aaggctacct gacggattta 960
aattccatga tcccgacaca cggaggagac atcaatgata tcaagaaggc gcgactgctc1020
ctcaagtctg ttcgggagac gaacctcat caccgcccag cctggattgc atcagcccgc1080
35 ctggaagaag tcaactggga gctacaagta gctcggaacc ttatcatgaa ggggacggag1140
atgtgcccc aagtggaaga tgtctggctg gaagcagcca ggttgacgac tggggacacal200
gccaaggccg tggtagccca agctgtccgt catctccac agtctgtcag gatttacatc1260
agagccgcag agctggaaac ggacattcgt gcaaagaagc gggttcttcg gaaagccctc1320
gagcatgttc caaactcgtt tcgcttctgg aaagcagccg ttgagctgga agaacctgaa1380
40 gatgctgaaa tcatgctgag ccgagctgctc agtgctgccc ccaccagcgt ggagctctgg1440
cttgtctctg caaggctgga gacctatgaa aatgcccgca aggtcttgaa caaggcgcgg1500
gagaacattc ctacagaccg acatatctgg atcacggctg ctaagctgga ggaagccaat1560
gggaacacgc agatggtgga gaagatcatc gaccgagcca tcacctcgct gcgggccaac1620
ggtgtggaga tcaaccgtga gcagtggatc caggatgccg aggaatgtga cagggtggg1680
45 agtgtggcca cctgccaggc cgtcatgctg gccgtgattg ggattgggat tgaggaggaa1740
gatcggaagc atacctggat ggaggatgct gacagttgtg tagcccacaa tgccctggag1800
tgtgcacgag ccattctacg ctacgcccgt caggtgttcc ccagcaagaa gagtgtgtgg1860
ctgcgcgcgc cgtacttcga gaagaacctt ggactcggg agtccctgga agcactcctg1920
cagagggctg tggcccactg ccccaaagca gaggtgctgt ggctcatggg cgccaagtcc1980
50 aagtggctgg caggggatgt gcctgcagca aggagcatcc tggccctggc cttccaggcc2040
aaccccaaca gtgaggagat ctggtgcca gccgtgaagc tggagtccga gaatgatgag2100
tacgagcggg cccggaggct gctggccaag gcgcggacag tgccccacc gcccggtgt2160
tcattgaagtc tgtgaagctg gagtgggtgc aagacaacat cagggcagcc caagatctgt2220
gcgaggaggc cctgcggcac tatgaggact tcccgaagct gtggatgatg aaggggcaga2280
55 tcgaggagca gaaggagatg atggagaagg cgcgggaagc ctataaccag ggggtgaaga2340
agtgtcccca ctccacaccc ctgtggcttt tgctctctcg gctggaggag aagattgggc2400
agcttactcg agcacgggcc attttgaaa agtctcgtct gaagaaccca aagaacctg2460
ggctgtggtt ggagtccgtg cggctggagt accgtgcggg gctgaagaac atcgcaata2520
cactcatggc caaggcgctg caggagtgcc ccaactccgg tatcctgtgg tctgaggcca2580

tcttctctga ggcaaggccc cagaggagga ccaagagcgt ggatgccctg aagaagtgtg2640
 agcatgaccc ccatgtgctc ctggccgtgg ccaagctgtt ttggagtcag cggaagatca2700
 ccaaggccag ggagtgggtc caccgcactg tgaagattga ctcggaacctg ggggatgcct2760
 5 gggccttctt ctacaagttt gagctgcagc atggcactga ggagcagcag gaggaggtga2820
 ggaagcgtg tgagagtga gagcctcgcc atggggagct gtggtgcgcc gtgtccaagg2880
 acatcgccaa ctggcagaag aagatcgggg acatccttag gctggtggcc ggccgcatca2940
 agaacacctt ctgattgagc ggttgccatg gccggtctcc gtggggcagg gttggggccgc3000
 atgtggaagg gctctgagct gtgtcctcct tcattaaaag tttttatgtc tcgtgtcaga3060
 aaaaaaaga aaagaaaaaa gggggcgccc gggggc 3096

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 88:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1906 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 88

35 gcgctcgctg aggcaagagg agggcactcg gccgcggcct gacagggact tagcccacag 60
 agaccggccc gcgcgcgcga ccccacaccc acccactcgt ccacctaccc actccccgcg 120
 ccgcctcctc ccaccctgag cagagccacc gaggatgata aacacccagg acagtagtat 180
 tttgcccgtg agtaagtgtc cccagctcca gtgctgcagg cacattgttc cagggcctct 240
 gtggtgctcc tgatgcccct caccactgt cgaagatccc cggtgggcga gggggcggca 300
 40 gggatccttc tctctcagct ctaatatata aggacgagaa gctcactgtg acccaggacc 360
 tccctgtgaa tgatggaaaa cctcacatcg tccacttcca gtatgaggtc accgaggtga 420
 aggtctcttc ttgggatgca gtccctgtcca gccagagcct gttttagtaa atcccagatg 480
 gattattagc tgatgggagc aaagaaggat tgtagcact gctagagttt gctgaagaga 540
 agatgaaagt gaactatgtc ttcactctgt tcaggaaggg ccgagaagac agagctccac 600
 45 tccctgaagac cttcagcttc ttgggctttg agattgtacg tccaggccat ccctgtgtcc 660
 cctctcggcc agatgtgatg ttcattggtt atcccctgga ccagaacttg tccgatgagg 720
 actaatagtc atagaggatg ctttaccxaa gagccacagt gggggaagag ggggaagttag 780
 gcagccctgg gacagacgag agggctcctc gctgtctagg gaaggacact gaggggctca 840
 ggggtgaggt tgcctattgt gttctcggag ttgactcggt gaaattgttt tccataaaga 900
 50 acagtataaa catattattc acatgtaatc accaatagta aatgaagatg tttatgaact 960
 ggcattagaa gctttctaaa ctgcgctgtg tgatgtgttc tatctagcct aggggaggac1020
 attgcctaga gggggagggg ctgtctgggt tcaggggcat ggcttgagg gctgggtgggc1080
 agcactgtca ggctcagggt tccctgctgt tggctttctg ttttggttat taagacttgt1140
 gtattttctt tctttgcttc ctgtcacccc aggggctcct gagtataggc ttttcagtccl1200
 55 ctgggcagtg tccctgagtt gttttttgac actcttacct gggcttctct gtgtgcattt1260
 gcgtctggcc tggagtaagc aggtccgacc cctccttctt tacagcttag tggtattctg1320
 gcatttggtt aagctggctt aatctgttta atgttatcag tacattttta ataggggcat1380

tgaattttac tcccaccacc agggcttttt tgggggatgc ctgggccttt aaaacactag1440
 ccaaactcta attaatcttc aaatcactgc caggagttct tgctcctggc tgcaggccca1500
 ggccccaagg tctccttctt ggggtcacaa acagcagtaa ggaagaggaa tatatagca1560
 5 ctcagggcct gggaattgtg gggcaatccg ttcttaggga ctggatactt ctggctggct1620
 gagtatagta ctagctgcct ccccaccagg ttccgagtag tgtctgagac tctgctctgc1680
 agggcctagg gtagcgtgg gagtgtagaa gtggcctgcc cttaactgtt ttcactaaac1740
 agctttttct aaggggagag caagggggag agatctagat tgggtgaggg ggacggggat1800
 gtcaggagg caagtgtgt gtgttactgt gtcaataaac tgatttaaag ttgtaaaaa1860
 10 aaaagaaagg gggggggtgg aggggagggg gggggaaaag aaaaaa 1906

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 90:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 15 (A) LÄNGE: 349 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 20 hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- 25 (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:
- 30 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 90
- 35 gctaagagga caagatgagg ccggcctct catttctct agcccttctg ttcttcttg 60
 gccaagctgc aggggatgtg ggggatgtg gacctccaa tcccagccc ggcttcagct120
 ctttcccagg tgttgactcc agctccagct tcagctccag ctccaggteg ggctccagct180
 ccagccgcag cttaggcagc ggaggttctg tgtcccagtt gttttccaa ttcaccggct240
 ccgtggatga ccgtgggacc tgccagtgt ctgtttccct gccagacaac aactttccc300
 40 tggacagagt ggaacgttg aattcacagc tcatagttat ttctcagag 349

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 91:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 45 (A) LÄNGE: 2142 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 91

```
cagacccaga aagtagtgac cagccctcct cggattaccc ttcatgggct cctcccttgc 60
gccgcccacc ctccagattt gcataaaaaa ggccaagaaa actctggctg tgccccagca 120
acggctcatt ctgctccccc ggtcggagc ccccgaggc tgccgcggg cttgcagcgc 180
15 ctgcccgcg ctgtcctccc ggtgtccgc ttctccgcgc cccagccgc ggctgccagc 240
tttccggggc cccagtgctc acccagcgaa gagagcgggc ccgggacaag ctcgaaactcc 300
ggccgcctcg ccttccccc gctccgctcc ctctgcccc tcggggctgc gcgcccacga 360
tgctgcaggg ccttggtctg ctgctgctgc tcttctcgc ctgcactgc tgctgggct 420
cggcgcggg gctcttctc tttggccagc ccgacttct ctacaagcg agaattgcaa 480
20 gccatccc gccaacctgc agctgtgcca cggcatcgaa taccagaaca tgcggctgcc 540
caacctgctg ggccacgaga ccatgaagga ggtgctggag caggccggcg cttggatccc 600
gctggtcatg aagcagtgcc acccgagac caagaagttc ctgtgctgc tcttcgccc 660
cgtctgcctc gatgacctag acgagaccat ccagccatgc cactcgtct gcgtgcagg 720
gaaggaccgc tgcgccccg tcatgtccgc cttcggcttc cctggcccg acatgcttga 780
25 gtgcgaccgt tccccccagg acaacgacct ttgcatcccc ctgctagca gcgaccacct 840
cctgccagcc accgaggaag ctccaaaggt atgtgaagcc tgcaaaaata aaaatgatga 900
tgacaacgac ataattgaaa cgctttgtaa aatgatttt gcaactgaaa taaaagtga 960
ggagataacc tacatcaacc gagataccaa aatcatcctg gagaccaaga gcaagaccat1020
ttacaagctg aacggtgtgt ccgaaaggga cctgaagaaa tcggtgctgt ggctcaaaga1080
30 cagcttgacg tgcacctgtg aggagatgaa cgacatcaac gcgccctatc tggctcatggg1140
acagaaacag ggtggggagc tgggtgatcac ctcggtgaag cgggtggcaga aggggcagag1200
agagttcaag cgcattctcc gcagcatccg caagctgcag tgctagtccc ggcatcctga1260
tggctccgac aggcctgctc cagagcacgg ctgaccattt ctgctccggg atctcagctc1320
cggttcccca agcacactcc tagctgctcc agtctcagc tgggcagctt cccctgcct1380
35 tttgcacgtt tgcattccca gcatttctct agttataagg ccacaggagt ggatagctgt1440
tttcacctaa aggaaaagcc caccggaatc ttgtagaaat attcaaaacta ataaaatcat1500
gaatattttt atgaagtta aaaatagctc actttaaaagc tagttttgaa taggtgcaac1560
tgtgacttgg gtctggttgg ttgttgtttg ttgttttgag tcagctgatt ttcacttccc1620
actgaggttg tcataacatg caaattgctt caattttctc tgtggcccaa acttgtgggt1680
40 cacaaccct gttgagataa agctggctgt tatctcaaca tcttcacag ctccagactg1740
agactcagtg tctaagtctt acaacaattc atcattttat acctcaatg ggaacttaaa1800
ctgttacatg tatcacattc cagctacaat acttccattt attagaagca cattaacct1860
ttctatagca tgatttcttc aagtaaaagg caaaagatat aaattttata attgacttga1920
gtactttaag ccttgtttaa aacatttctt acttaacttt tgcaaatata acccattgta1980
45 gcttacctgt aatatacata gtagtttacc tttaaaagtt gtaaaaatat tgctttaacc2040
aacactgtaa atatttcaga taaacattat attcttgat ataaacttta catcctgttt2100
tacctataaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaagg aa 2142
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 92:

50

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1111 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

55

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 92

```
15  cgtgggcgaa catgggagct gttcctcgcg ggccgcccggg tgctggtcac cggggcaggc 60
    aaaggtatag ggcgcggcac ggtccaggcg ctgcacgcga cgggcgcgcg ggtgggtggct 120
    gtgagccgga ctccaggcga tcttgacagc cttgtccgcg agtgcccggg gatagaacct 180
    gtgtgcgtgg acctgggtga ctgggaggcc accgagcggg cgctgggcag cgtgggcccc 240
    gtggacctgc gcggagactg cgccgacatg gagctgttcc tcgcggggccg ccgggtgctg 300
20  gtcaccgggg caggcaaagg tatagggcgc ggacaggctc aggcgctgca cgcgacgggc 360
    gcgcgggtgg tggctgtgag ccggactcag gcggatcttg acagccttgt ccgcgagtgc 420
    ccggggatag aaccgcgtgt cgtggacctg ggtgactggg aggccaccga gcgggcgctg 480
    ggcagcgtgg gccccgtgga cctgctgggt aacaacgcgc ctgtcgcctt gctgcagccc 540
    ttcctggagg tcaccaagga ggcctttgac agatcctttg aggtgaacct gcgtgcggtc 600
25  atccaggtgt cgcagattgt ggccaggggc ttaatagccc ggggagtccc aggggccatc 660
    gtgaatgtct ccagccagtg ctcccagcgg gcagtaacta accatagcgt ctactgctcc 720
    accaagggtg ccttgacat gctgaccaag gtgatggccc tagagctcgg gccccacaag 780
    atccgagtga atgcagtaaa ccccacagtg gtgatgacgt ccattggcca ggccacctgg 840
    agtgaccccc acaaggccaa gactatgctg aaccgaatcc cacttgga gtttgctgag 900
30  gtagagcacg tgggtgaacgc catcctcttt ctgctgagtg accgaagtgg catgaccacg 960
    ggttccactt tgccggtgga agggggcttc tgggcctgct gagctccctc cacacacctc 1020
    aagccccatg ccgtgctcat cctaccccca atccctccaa taaacctgat tctgctgccc 1080
    aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa g 1111
```

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 93:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 657 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

40

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

55

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 93

5 atttaaagcc tggattgtaa ccagattttc ttttttcccc cttctcagct gtagatatga 60
tatctccttt cagggcccca gcttaagggc aaagtgagtt aatgtgtaga caaaggcgag120
ggacaagaga gagttaacat ctgacagtg gaaaaagcca tgggtgtgtg tttctggga180
ccaccaacac ttgcaggttt agctttttcc cagggttgac tacaagaaag aaaaccatgt240
ttttgcaaga ttaaaatgtg gttgagtggt cctaaattaa ccatcccat tttatcata300
tttccaccat cacttcaggg ttttaagagt cagtgtcac ctgggaggac tggtagtaca360
10 ttttgcttct tagaaagcta agtcctgggt tccgtctgat tttagggtcc aggaacttcc420
tgagaacacc cgatcgaga gggtaatttt ctggagtttg ttttgcaggg atagctggga480
gtatggccac cctgtccac gatgcggtta tgaatccagc agaagtgggt aagcagcgct540
tgcatgtga caactcgag caccggtcag caatcagctg catccggacg gtgtggagga600
ccgaggggtt gggggccttc taccggagct acaccagcc gagccctatc tcgtgcc 657

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 94:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 20 (A) LÄNGE: 863 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

35 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 94

40 gcggtcggta gtgcggcgct gtttaaagat ggcggcggag gaacctcagc agcagaagca 60
ggagccgctg ggcagcgact ccgaagggtg taactgtctg gcctatgatg aagccatcat120
ggctcagcag gaccgaattc agcaagagat tgctgtgcag aacctctctg tgtcagagcg180
gctggagctc tcggtcctat acaaggagta tgctgaagat gacaacatct atcaacagaa240
gatcaaggac ctccacaaaa agtactcgta catccgcaag accaggcctg acggcaactg300
45 tttctatcgg gctttcggat tctcccactt ggaggcactg ctggatgaca gcaaggagtt360
gcagcgggtc aaggctgtgt ctgccaaag caaggaagac ctggtgtccc agggcttcac420
tgaattcaca attgaggatt tccacaacac gttcatggac ctgattgagc aggtggagaa480
gcagacctct gtgcgggacc tgctggcctc cttcaatgac cagagcaoct ccgactacct540
tgtggtctac ctgcggctgc tcacctcggg ctacctgcag cgcgagagca agttcttcga600
50 gcacttcacg gagggtggac ggactgtcaa ggagtctgc cagcaggagg tggagcccat660
gtgcaaggag agcgaccaca tccacatcat tgctgtggcc caggccctca gcgtgtccat720
ccaggtggag tacatggacc gcggcgaggg cggcaccacc aatccgcaca tcttccctga780
gggcttccga gcccaaggct ttacctgtt ttaaccggct tggggcaatt taggtattgc840
tttttataaa taggggtttg gtt 863

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 95:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 1015 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

10

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

15 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 20 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 95

25 aattcggaac gagggcgccct gcaagccatg atgacccacc tgcattgtgaa gtctacagaa 60
 cccaaagctg cccctcagcc cctgaatctg gtatcaagtg tcacctctc caagtccgca 120
 tcggaggctt ctccacagag cttacctcat actccaacga ccccaaccgc cccctgact 180
 ccggtcacc aaggccctc tgtcatcaca accaccagca tgcacacggt gggaccatc 240
 cgagggcgt actcagacaa atacaacgtg cccatttcgt cagcagatat tgcgcagAAC 300
 caagaatttt ataagaacgc agaagttaga ccaccattta catatgcac ttttaattagg 360
 30 caggccattc tcgaatctcc agaaaagcag ctaacactaa atgagatcta taactgggtc 420
 acacgaatgt ttgcttactt ccgacgcaac gcggccacgt ggaagaatgc agtgcgtcat 480
 aatcttagtc ttcacaagt ttttgtgcga gtagaaaacg ttaaaggggc agtatggaca 540
 gtggatgaag tagaattcca aaaacgaagg ccacaaaaga tcagtggtaa ccctccctt 600
 attaaaaaca tgcagagcag ccacgcctac tgcacacctc tcaatgcagc tttacaggct 660
 35 tcaatggctg agaatagtat acctctatac actaccgctt ccattgggaa tcccactctg 720
 ggcaacttag ccagcgcaat acgggaagag ctgaacgggg caatggagca taccaacagc 780
 aacgagagt acagcagtc aggcagatct cctatgcaag ccgtgcatcc tgtacacgtc 840
 aaagaagagc cctcgatcc agaggaagct gaaggggccc tgccttagt gacaacagcc 900
 aaccacagtc cagattttga ccatgacaga gattacgaag atgaaccagt aaacgaggac 960
 40 atggagtgc tatcggggcg ggccaacccc gagaatgaag attggaaaa aaaaa 1015

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 96:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 45 (A) LÄNGE: 2532 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 96

gctcgatgtg caagtgaagg atgattccag ggccctgact ttaggagcac tgacgctgcc 60
tctggcccg cctgctgactg cccagaaact catcctggac cagtgggtcc agctcagcag 120
ctctgggtcca aactccagac tctatatgaa actagtcctg aggatcctgt acttggattc 180
15 atcagaaata tgcctcccca cgggtgcctgg ttgtcctggt gcttgggacg tggacagtga 240
gaatccccag agaggcagca gtgtggatgc cccacctga cctgtcaca cgaactcctga 300
tagccagttt gggactgagc atgtgcttcg gatccatgta ttagaggccc aggacctgat 360
tgccaaagac cgtttcttgg ggggactggt gaagggcaag tcagaccct atgtcaaact 420
aaagtgtgca ggacgaagct tccggagcca tgttgttcgg gaagatctca atccccctg 480
20 gaatgaggtt tttaggtga tgcgtcacat agttccaggc caagagctag aggttgaagt 540
ctttgacaag gacttgaca aggatgattt tctgggcagg tgtaaaagtc gtctcaccac 600
agtcttaaac agtggcttcc ttgatgagt gctgaccctg gaggatgtcc catctggccg 660
cctgcacttg cgcctggagc gtctcaccac ccgtccact gctgctgagt tagaggaggt 720
gctgcaggtg aatagtttga tccagactca gaagagtgcg gagctggctg cggccctgct 780
25 atccatctat atggagcggg cagaggacct cccgctgcga aaaggcacca agcaccctag 840
cccttatgct actctcactg tgggagatag ttctcataaa accaagacta tttcgcaaac 900
ttcagccctt gtctgggatg agagtgcctc ctttctcatc aggaaccac acactgagag 960
cctagagtgc caggttcggg gtgagggcac tggcgtgctg ggctcattat ccctgccctt 1020
ctcagagctc ctgctggctg accagctctg cttggaccgc tggtttacac tcagcagtggt 1080
30 tcaggggagc gtgctactga gagcacagct agggatcctg gtgtcccagc actcgggagt 1140
ggaagctcat agccacagct acagccacag ctctctcatg ctgagtgaag aaccagagct 1200
ctcgggggga cccctcaca tcacctctc agccccagag ctccggcagc gcctaacaca 1260
tggtgacagt ccccttgagg ctccagccgg gcctctgggc caggtgaaac tgactctgtg 1320
gtactacagt gaagaacgaa agctggtcag cattgttcac ggttgccggt ccctcgaca 1380
35 gaatggacgt gatcctctg atccctatgt gtcactgttg ctactgccag acaagaaccg 1440
aggaccaag agaggacct cacagaagaa gaggacctg agtctgaat ttaatgaacg 1500
gtttgagtgg gaactcccc tggatgaggc ccagagacga aagctggatg tctctgtcaa 1560
gtctaattcc tccttcatgt caagagagcg tgactgctgg ggaaggtgca gctggacct 1620
gctgagacag acctttccca ggggtgtagc cgggtggtatg acctgatgga caacaaggac 1680
40 aaggcagct cctaggagct ggcaggtccc agcctgactg ctctgtcttc ctgccttctg 1740
ctcgtcccat caccgcctca atgtgatgag cctaaagcta gggccaagg gcagagcctg 1800
tgcccttcag cctttcacc taacaggccc atattcgggc ctttgcctga ccaaagagaa 1860
gaaccgtatg ttccctttac tgcacggcct ttatccttct gggccctggt ggcggggacc 1920
tgagctggct gtttctgct ttgcctgcac attgttctcc ctctctcca actcctcagg 1980
45 gccttctgta tctgtgctg gccagtggca gcactagcag tgggtattagc ttatgcaaaa 2040
tacagctttg gaaggatctt tttttcttta actagatggt caccttcttc cctaccacac 2100
atgggtggga aggtggacag gctaacctct ccagctgtga gcctcttaga ctactgcatg 2160
tagcaaatgt tcagcagctc agggcccat gtccagttct gtcccaactg tctcaacc 2220
tgtcctgaaa attctactgc tttgatggct ggggccagtc tcttgtcact ttggaaactg 2280
50 aggacgcgtg gattctactc aagcctccaa gtagtggcat atcagctctg gagctcctag 2340
ctggtgatac ggagagggct ttggaggact tgggacagca gggccaattt ttttgcccaa 2400
gtgcctaggc tgctaactca ctgactagaa cttaatctg tactttacag ttttgacca 2460
actctgcaa gccactggat cttacattaa acatcatact caaaaaaaaa aaaaaataaa 2520
ataaaaaaaaa aa 2532

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 98:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 776 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 98

20
 tttttttttt tttttttttt tttttttttt ttttgagaca aagtctcact gtgtcaccca 60
 gactggaatg cagtgcacaca atctcggtc actgaaacct ctgccttcca gggtcaagct120
 attctcatgc ctcagcctct caagtagctg ggactacaga tgtgggccac catgtctggc180
 25 taattttttt ttttttttgt agagacaggg tttcgccatg ttgacgagac tgggtctcgaa240
 ctcttgccct caagtgatct gccgcctcag cttctcaaag tactgggatt atataggcat300
 gagccactga gcctggccct gaagcgtttt tctcaaaggc cctcagttag ataaattaga360
 tttggcatct cctgtcctgg gccaggatc tctctacaag agccctgcc cctctgttg420
 aggcacagtt ttagaataag gaggaggagg gagaagagaa aatgtaaagg agggagatct480
 ttcccaggcc gcaccatttc tgtcactcac atggacccaa gataaaagaa tggccaaacc540
 30 ctcacaaccc ctgatgttg aagagttcca agttgaagg aaacaaagaa gtgtttgatg600
 gtgccagaga ggggctgctc tccagaaagc taaaatttaa tttcttttt cctctgagtt660
 ctgtacttca accagcctac aagctggcac ttgctaacaa atcagaaata tgacaattaa720
 tgattaaaga ctgtgattgc caccaaaaaa aaaaaaaca gccaggaaaa aaaggg 776

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 99:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 629 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 40 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

45 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 99

```

5  cggtcgact tccgttactt gctgcgagg accgtgggca gccagggtcg gtgaaggatc 60
   ccaaaatggc tgggcgaaaa cttgctctaa aaaccattga ctgggtagct tttgcagaga120
   tcatacccca gaaccaaaag gccattgcta gtccctgaa atcctggaat gagaccctca180
   cctccaggtt ggctgcttta cctgagaatc caccagctat cgactgggct tactacaagg240
   ccaatgtggc caaggctggc ttggtggatg actttgagaa gaagtttaat gcgctgaagg300
10  ttcccgtgcc agaggataaa tatactgccc aggtggatgc cgaagaaaaa gaagatgtga360
   aatcttgtgc tgagtgggtg tctctctcaa aggccaggat tgtagaatat gagaaagaga420
   tggagaagat gaagaactta attccatttg atcagatgac cattgaggac ttgaatgaag480
   ctttcccgaga aaccaaatta gacaagaaaa agtatcccta ttggcctcac caaccaattg540
   agaatttata aaattgagtc caggaggaag ctctggccct tgtattacac attctggaca600
15  ttaaaaataa taattataca aaaaaaaaaa
                                     629

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 100:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 20 (A) LÄNGE: 757 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 25 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 30 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

- 35 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 100

```

40  ggcggggagc agggggacac cagggtgaat caggaagacc cgaggggtgg cccccaccct 60
   ttctccaccc acgcggcagg ttccaggtgc cctggctgga gtcagtcctc atcgtagtca120
   gcaacaacat tgacgaggag gcgctggccc gactggccca ggagggcagt gaggtgaatg180
   tcattggcat tggcaccagt gtggtcacct gcccccaaca gccttccttg ggtggcgtct240
45  ataagctggg ggccgtgggg ggccagccac gaatgaagct gaccgaggac cccgagaagc300
   agacgttgcc tgggagcaag gctgctttcc ggctcctggg ctctgacggg tctccactca360
   tggacatgct gcagtttagc gaagagccag tgccacaggc tgggcaggag ctgaggggtg420
   ggccctccagg ggccagggag ccctgcaccg tgaggccagc ccaggtggag ccactactgc480
   ggctctgcct ccagcaggga cagctgtgtg agccgctccc atccctggca gagtctagag540
50  ccttggccca gctgtccctg agccgactca gccctgagca caggcggctg cggagccctg600
   cacagtacca ggtggtgctg tccgagaggc tgcaggccct ggtgaacagt ctgtgtgcgg660
   ggcagtcccc ctgagactcg gagcggggct gactggaaac aacacgaatc actcactttt720
   cccacagga agaggaggtg agggaagagg gggggcg
                                     757

```

- 55 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 101:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1262 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 101

```

aatttggtga agagtgatcc tccctcatcc tctgcaaaca ttccataggc gataggaaga 60
actatgcctc tgccaagctt tctgagttgc tgccagaaga agttgaagca gaagtgaag 120
cagctgcaga gatatacaatg ggaacagagg ttccagaaga agatatttgc aatattctgc 180
atctttgcac ccaggtgatt gaaatctctg aatatcgaac ccagctctat gaatatctac 240
aaaatcgaat gatggccatt gcacccaatg ttacagtcac ggttggggaa ttagttggag 300
cacggcttat tgctcatgca ggttctcttt taaatttggc caagcatgca gcttctaccg 360
ttcagattct tggagctgaa aaggcacttt tcagagccct caaatctaga cgggataccc 420
ctaagtatgg tctcatttat catgcttcac tcgtgggcca gacaagtccc aaacacaaag 480
gaaagatttc tcgaatgctg gcagccaaaa ccgttttggc tatccgttat gatgcttttg 540
gtgaggattc aagttctgca atgggagttg agaacagagc caaattagag gccaggttga 600
gaacttttga agacagaggg ataagaaaaa taagtggaaac aggaaaaagca ttagcaaaaa 660
cagaaaaata tgaacacaaa agtgaagtga agacttacga tccttctggt gactccacac 720
ttccaacctg ttctaataaaa cgcaaaatag aacaggtaga taaagaggat gaaattactg 780
aaaagaaagc caaaaaagcc aagattaaag tttaaagtga agaagaggaa gaagaaaaag 840
tggcagaaga agaagaaca tctgtgaaga agaagaaga aaggggtaaa aagaaacaca 900
ttaaggaaga accactttct gaggaagaac catgtaccag cacagcaatt gctagtccag 960
agaaaaagaa gaaaaagaaa aaaaagagag agaacgagga ttaacagaaa ggaattacga 1020
ttatatcacc cggacacaca tcatgcttaa gattcaactg ggagcatacc agggatgctc 1080
tctaacgtaa tcaagggaag gttcagtaag acaaagtgat ttatcatcta taacttcaa 1140
cctatttgtc ttgacatcaa ctctgttaac cttatgtcat catttcttag agtctttgat 1200
atacaataaa aattttcttt gtattttaaa acaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1260
aa

```

1262

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 102:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1281 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 102

```
15  ggcggaagta gccgcaggca tggcggcggc tatgccgtg ttgctctgct cgtcctgttg 60
    ctcttggggc ccggcggtg gtgccttgca gaacccccac gcgacagcct gcgggaggaa 120
    cttgtcatca cccgcgtgcc ttccggggac gtagccgcca cattccagtt ccgcacgcgc 180
    tgggattcgg agcttcagcg ggaaggagtg tcccattaca ggctctttcc caaagccctg 240
    gggcagctga tctccaagta ttctctacgg gagctgcacc tgtcattcac acaaggcttt 300
20  tggaggaccc gatactgggg gccacccttc ctgcaggccc catcagggtg agagctgtgg 360
    gtctggttcc aagacactgt cactgatgtg gataaatctt ggaaggagct cagtaatgtc 420
    ctctcaggga tcttctgcgc ctctctcaac ttcatcgact ccaccaacac agtcactccc 480
    actgcctcct tcaaaccctt gggctctggc aatgacactg accactactt tctgcgctat 540
    gctgtgctgc cgcgggaggt ggtctgcacc gaaaacctca cccctggaa gaagctcttg 600
25  ccctgtagtt ccaaggcagg cctctctgtg ctgctgaagg cagatcgctt gttccacacc 660
    agctaccact ccaggcaggt gcatatccgc cctgtttgca gaaatgcacg ctgtactagc 720
    atctcctggg agctgaggca gaccctgtca gttgtatttg atgccttcat cacggggcag 780
    ggaaagaaag actggtccct cttccggatg ttctcccgaa ccctcacgga gccctgcccc 840
    ctggcttcag agagccgagt ctatgtggac atcaccacct acaaccagga caacgagaca 900
30  ttagagggtc acccaccctc gaccactaca tatcaggacg tcatcctagg cactcggaag 960
    acctatgcca tctatgactt gcttgacacc gccatgatca acaactctcg aaacctcaac1020
    atccagctca agtgaagag acccccagag aatgaggccc cccagtgcc ctctctgcat1080
    gccagcgggt acgtgagtgg ctatgggctg cagaaggggg agctgagcac actgctgtac1140
    aacaccacc cataccgggc cttcccggtg ctgctgctgg acaccgtacc ctggtatctg1200
35  cggtgttac atccactacc agcctgccc ggaccggctg caaccaccac tcctggagat1260
    gctgattcag ctgccggcca a                                     1281
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 103:

40

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 716 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

55

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 103

gggccccaga aagagaccaa tgtgttgtgc gacgggtggg tggcagtggc agtggcagat 60
ggtaaccaggc gccccagaac tctaaggggc ctcaagtagt ttaaaacctc ggaggctgcc120
tgacttgggg ccaagggttt ctatgctcag gcctgacccc tcatggatta gtttctgctg180
10 gaaaaacttt ttctgccttc ggccagggtct ctatctcctt ctgccttaac atattttgga240
aggttggttc ccagcagaga cggggccatg ggctcacact ctgacctctc ccacggcatt300
agccctgtct cagcctcttg gctgttacgc aagttaattc ctgcacaaga ctcaaacag360
ggctgtggag gaagcaaagg agcccttttt atgcctctgt agtaggactg agagaggccc420
tctggccagc gtgagcctgc tggttcttcc cggactgtac caggccttga ggcgggggtat480
15 gaaaacgccc cactctgggg cctggcttgg ggaaggggag gcggcagggg ttctttgggc540
ttctcgaggg tataatctga gctctctggg gaacgtgtgt ccatttgtag gcagtagtcc600
gacacgtcgg gggactcaac tttaactctg gacaatctgt gtgtggtctg tttttagtaa660
attcatccac acaagagagt ggaggcatga acaggggtgg ccttctctcg atctca 716

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 104:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1160 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

25 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

40 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 104

tttgttggtg gagaaaggag agaaaggaaa gcgcgagggg ccgcccgcac caccagcgca 60
45 gaggctctga gctgtgagga gattcggggc gtcacctgcg ctcccctgcg tcccgccacc 120
ggccgcttct gtcctcggac ccattccaac aatctcgtaa aacatggtgg attactatga 180
agttctaggc gtgcagagac atgcctcacc cgaggatatt aaaaaggcat atcggaact 240
ggcactgaag tggcatccag ataaaaatcc tgagaataaa gaagaagcag agagaaaatt 300
caagcaagta gcggaggcat atgaagtgtc gtcggatgct aagaaacggg acatctatga 360
50 caaatatggc aaagaaggat taaatggtgg aggaggagggt ggaagtcatt ttgacagtcc 420
atttgaattt ggcttcacat tccgtaaccc agatgatgtc ttcagggaat tttttggtgg 480
aagggaacca ttttcatttg acttctttga agaccctttt gaggacttct ttgggaatcg 540
aagggtccc cgaggaagca gaagccgagg gacggggtcg tttttctctg cggtcagtgg 600
atttcgtct tttggaagtg gattttcttc ttttgataga ggatttactt catttgggtc 660
55 actaggtcac gggggcctca cttcattctc ttccacgtca tttggtggtg gtggcatggg 720
caacttcaaa tcgatatcaa cttcaactaa aatggttaat ggcagaaaaa tcaactacaa 780

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 105:

(D) TOPOLOGIE: linear

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 105

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 106

```
20  cgagggacag aacctggtgc aggaggagtt ggcggcccgcc gggacccagc ccccgatccat 60
    ccgcaacggc ctggacaaaag ccgcgaggtc cgcttcgagc gagctgagca ggccctgcgc 120
    cggttcagcc agggcccccac acccgctgcc gctgtccccc agggcacggc agccgagggc 180
    gctcccagggc aggaaaaactg tggtgcccag caggtccccc caggccgggc actagcacc 240
    ctcccagcag ccccgatgagg acctgcgggc ccctgacgga tgaggacgtg gtcagggtgc 300
25  ggccctgtga gaagaagcgg ctggacatcc gtggcaaaact ttacctggcc cccctcacca 360
    cgtgtgggaa cctgcacctc cgacggatct gcaagcgctt cggggcggat gtgacatgtg 420
    gagagatggc cgtctgcacc aacctgctgc agggccagat gtccgagtggt gccctactca 480
    aacgccacca gtgtgaggac atctttggcg tccagctgga gggcgccctc cccgacacca 540
    tgaccaagtg tgccgagctg ctgagccgca ccgtggaggt ggactttgtg gacatcaacg 600
30  tcggctgccc catcgacctc gtgtacaaga aggtggggg ctgtgcctc atgaatcgct 660
    ccaccaagtt ccagcagatc gtccgtggca tgaaccaggt gctggatgtg ccgctgactg 720
    tgaagatccg cacaggcgtc caggagcgtg tgaacctggc gcaccgcctg ctgcccagc 780
    tgccgggactg gggcgtggca ctgcgtcacg aaatggggac atcttgatc ttgaggatgc 840
    caaccgcgcc atgcagactg gtgtcacgg gatcatgatt gcccggtggc cctgctcaa 900
35  gccgtggctc ttcacggaga tcaaggagca gcggcactgg gacatctcgt cgtccgagcg 960
    cctggacatc ctgcgggact tcaccaacta cggcctggag cactgggggt cggacacgca1020
    gggcgtggag aagacccggc gctttctgct cgagtggctg tccttcctgt gccggtacga1080
    tcccgtgggg ctgctggagc ggctcccaca gaggatcaac gagcggccgc cctactacct1140
    gggccgcgac tacctggaga cgctgatggc cagccagaag gcagccgact ggatccgcat1200
40  cagcgagatg ctccctgggc cagtgcctcc cactcgcct tcttgccgaa gcacaaggcc1260
    aacgcgtaca agtagcctca ggctttccca ggggcaccct ggggcgagga gagtacaata1320
    aattttattc ttttaa                                     1336
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 107:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 812 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 107

ggcagcccaa tgtctcctgc acgtgcaatg caaacgctct ttgttccaga gcatggagat 60
cacggagctg gagtttggtc agatcatcat catcgtggtg gtcacgtgcc tgctgagcca120
ctacaagctg tctgcacggg ccttcacag cggcacagc cagggcgga ggagagaaga180
15 tgccctgtcc tcagaaggat gctgtggcc tcggagacac agtgtcaggc aacggaatcc240
cagagccgca gtcttacgcc ccgctcgcc ccaccgaccg cctggccgtg cgccttcgc300
ccagcggagc gttttccacc gttgccagcc caatgtctcc tgcacgtgca actgcaaacg360
ctctttgttc cagagcatgg agatcacgga gctggagttt gttcagatca tcatcatcgt420
ggtggtcacg tgctgtctga gccactacaa gctgtctgca cggctcttca tcagccggca480
20 cagccagggg cggaggagag aagatgccct gtctcagaa ggatgcctgt ggccctcgga540
gagcacagtg tcaggcaacg gaatcccaga gccgcaggtc tacgcccgc ctcgccccac600
cgaccgcctg gccgtgcgc cttcgccca gccggagcgc ttccaccgt tccagcccac660
ctatccgtac ctgcagcagc agatcgacct gccgcccacc atctcgtgt cagacgggga720
ggagcccca ccctaccagg gccctggac cttcaagggt cgggacccg aggaggagtt780
25 ggaaattgaa cggggattgg gtgcggagac cc 812

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 108:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

30 (A) LÄNGE: 2681 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

45 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 108

50 gatgcttggt atcatcatca tgatgacgct gtgtgaccag gtggatattt atgagtgcct 60
cccatccaag cgcaagactg acgtgtgcta ctactaccag aagttcttcg atagtgcctg 120
cacgatgggt gcctaccacc cgctgctcta tgagaagaat ttggtgaagc atctcaacca 180
gggcacagat gaggacatct acctgcttg aaaagccaca ctgcctggct tccggaccat 240
55 tcaactgctaa gcacaggctc ctcaactctt tccatcaggc attaaatgaa tggctctctg 300

```

gccaccccag cctgggaaga acattttcct gaacaattcc agcctgctcc ttttactcta 360
ggggcctctg tcagcaagac catggggact tcaagagcct gtggtcagga aatcagggtcc 420
agccttccct gtagccagac agtttatgag cccagagcct cctgccacac acatgcacac 480
atatctagca ttctttccag acagcatcct ccccgcttc caccttggtg gatgcaaggt 540
5 ctatctctcc catcagggct gccaaagctg ggctttgttt tcccagcag aatgatgcc 600
ttctcacaaa ccaatgctct atattgcttg aagtctgcat ctaaatttg atttcacgtt 660
ttaaagaaat tctcttaa atacaattgtg cccaatgcag ggtggctctg gggggcaagt 720
aggtggtaca ggggattgga aacatgctcc gcgcctccag agaaaagttg ctcccagagt 780
ccatgcccct ggaacgtgtt cctatcactc tggctgggtg ggctggctct tagactgggt 840
10 gcttatgatt aaagggtctt ggtagccca ctttccctct ccatgtggag atggaaggt 900
gagaaggata cagtgtctat cctcaagttg ctacggttca gtgagagag cagacatctg 960
aacaggcagg taggattcag tgtgctcagt gcactgggga tttggagaga gatgggctt 1020
ctctctctgt gaccccagga gggccacgca cttaaaactg tgtttgtgga tcagagaagg 1080
ctttatagca cagggggcat tcagatgagt cttagaggaa gagaagaaac atggcaagc 1140
15 gattacatct gagcggtttg aattgtgttt ttctttcttc ccatgtttat tttctaagt 1200
ctacctgaac ttagagactc aagatatttt tttaggaaac ctctaccga tgtctgaggt 1260
agcaagtgca gcctcacgac agataccagg caatccagag ccacaaaacg tgattcctc 1320
aggctctgcc tggcctgacc ctgtctctgc agctgggttt acataccagt cccattcttc 1380
cttttcaata aataccccca aatcttctcc taaccacat taaagcattt tttgcttta 1440
20 aagcatcctg accccaattt ctttgagctc acgggccttt tgctgaaggt ctctcagggt 1500
gtagtggtgt ggctctctgg acttaacgtc actctcagag gtcagaacct tggagatcag 1560
aactgattct caccaggtgt gagagggtg gtagcagatt gcaatgctct gcacctcttc 1620
cttgcaagtg agcaacttca ggctctctgg gcagaggctg gccactgta gtttgagac 1680
atgctctcca gatggtttta ctaagtcccc tctccctgat agggaatcct gctggaccag 1740
25 cgcagcctgg gtgtggagag gttaaaagac ttgcacagga tcaccaagtc atgctgtaga 1800
gccaggattc ctagaccag ggctctgcac tctcaaggct ggccccatgt gctcaagggt 1860
atctaagtgt tgggctccaa actaaccatc tcggagctgg gctcctcatt tactgccaa 1920
cctcagctt atgtagctag aaaggccct ggagtggaga agcctggatt ttcaaattga 1980
tgetccctta ctgactagct gtgccactct gggcaaatgc tcttccttga gcctgtttcc 2040
30 acacctgtaa agtggggatg atgactctat ctactgctt ttgtgaggat tacaggaaag 2100
cacctgtcct ggctctgtac ctggcacgta gtaggtgctc agttcatgct ggtttccttc 2160
ctgcctttag tagggacctg ctctgtgctc acacctcggc tgcatgcacc ctgctgtgac 2220
ggaggctagt gtggaagagg tcctgtcctc agggaattaa ctgtcttatt gggagacaac 2280
aactgtcctc cttggaacac ccaagaaacc atgcaaagca gtggacaaca cagaacacgc 2340
35 cctcctcctc gctgcctgca gctccaatct gattctgctt gggaaatgggc ggagcacgtg 2400
ggctgcttaa ctgctgtata ggacaagccc cttaccctc tctgggcca tgaattcctg 2460
gcttggttta tgttctgatt tgacacactg attttaatct tcgaatcatg acactgagt 2520
cagaggaggt ggcattccga cagcaggaca tacatgttgg tgtgaagact gggacgacac 2580
tgggtagaat ctagttttta attattatta atataaagga tcaaattaat ttaaatatga 2640
40 atccgaagtc cacagaactt taagtgtgt gccggccatg t
2681

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 109:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 45 (A) LÄNGE: 1407 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 55 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 109

cttgggacgg aagcctagct ggggtggggg cgccgggctg gagccttcgc aggggagcgg 60
gctcagtcac caccctgccc cccagagtga ctcagccccc acgtcccccac ccatcccccgg 120
10 ggagccaggg ccgcagaggg aggtagataa gtgggggtggc agcctgggtc ggccagagag 180
ttcaggccac cccggccgga cgcctgccac ttgctgtcac tgtgccgctg tcatggcacg 240
ctccgggagt gccacgccac ctgcccgggc tccgggagcc cctccacgga gcccaccca 300
gaggctggta caggatgtca gtgggcccct gagggagctg cgccctcggc tctgccacct 360
gcgaaaggga cctcagggtt atgggttcaa cctgcatagt gacaagtccc ggcccggcca 420
15 gtacatccgc tctgtggacc cgggctcacc tgccgcccgc tctggcctcc gcgcccagga 480
ccggctcatt gaggtgaacg ggcagaatgt ggagggactg cgccatgctg aggtgggtggc 540
cagcatcaag gcacgggagg acgaggcccg gctgctggtc gtggaccccg agacagatga 600
acacttcaag cggcttcggg tcacacccac cgaggagcac gtggaaggctc ctctgccgtc 660
accgctcacc aatggaacca gccctgccca gctcaatggt ggctctgcgt gctcgtcccg 720
20 aagtgcacct cctgggttcg acaaggacac tgaggatggc agtgccctga agcaagatcc 780
cttccaggag agcggcctcc acctgagccc cacggcggcc gagggccaagg agaaggctcg 840
agccatgcga gtcaacaagc gcgcgccaca gatggactgg aacaggaagc gtgaaatctt 900
cagcaacttc tgagcccctt cctgcctgtc tcgggaccct gggacccctc ccgcacggac 960
cttgggcctc agcctgcccc gagctccccc agcctcagtg gactggaggg tggctcctgcc1020
25 attgcccaga aatcagcccc agcccgggtg agcccccac ctgcccctgc ccaccaggta1080
ctgggggcct gtggcagcaa gataggggga gagagacca gagatgtgag agagagtcag1140
agacagagac agagagagag agagagagac acagagagag acagagagag agcgagcgag1200
cgcgccggcag ccgcggggcg agggcctttg ctgctctgcc ggggcctgct gactgaaagg1260
aatttggttt ttgtctttt ttccaaaaag atctccagct ccacacatgt ttccacttaa1320
30 taccagagac cccccccgtc aaagccccc tccccggccc cttgggacgc gctctaaata1380
attgcaataa aacaaacctt tctctgc 1407

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 110:

35 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1376 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 110

```

cgaagaagcc ccgccccgct ccgcttagac aatgccccgg agccgccaga ccgtcgcgcc 60
cctgccccat cgtagtatat gagctcgctt acacaaggac ccccgctaaa agccagagct 120
cccagtcctc gaggtttgaa gacggggact cccttctcca ccaactctgt cctcgggggg 180
tggggccccca gccgagatca cagcgcgaca ggagtggggg tggccgctgg agacaggtga 240
5 aaaaacaaga aaactaagaa atccgagcgg ttggaggggg agtctgtgtg gatgggatgg 300
ggacgccggg ggaggggctg ggccgctgct cccatgccct gatccgggga gtcccagaga 360
gcctggcgctc gggggaaggt gcgggggctg gccttcccgc tctggatctg gccaaagctc 420
aaagggagca cggggtgctg ggaggtaaac tgaggcaacg actggggcta cagctgctag 480
aactgccacc tgaggagtca ttgccgctgg gaccgctgct tggcgacacg gccgtgatcc 540
10 aaggggacac ggccctaata acgcggccct ggagccccgc tcgtaggcca gaggtcgatg 600
gagtccgcaa agccctgcaa gacctggggc tccgaattgt ggaaatagga gacgagaacg 660
cgacgctgga tggcactgac gttctcttca ccggccggga gtttttcgta ggctctcca 720
aatggaccaaa tcaccgagga gctgagatcg tggcggacac gttccgggac ttccgctct 780
ccactgtgctc agtctcggtt cctccaccac tgcgcggtct ctgcggcatg gggggacctc 840
15 ccactgttgt ggcaggcagc agcgacgctg cccaaaaggc tgtccgggca atggcagtg 900
tgacagatca cccatagctc tccctgaccc tcccagatga cgcagctgct gactgtctct 960
ttcttcgtcc tgggttgctt ggtgtgcccc ctttctctct gcaccgtgga ggtggggatc 1020
tgcccaacag ccaggaggca ctgcagaagc tctctgatgt caccctggta cctgtgtcct 1080
gctcagaact ggagaaggct ggccgcccggc tcagctccct ctgcttggtg ctacgacac 1140
20 gccccacag ctgagggcct ggccctgggg tactgctggc caggggtagg atagtatagg 1200
aagtgaagg ggaaggaggg ttagatagag aatgctgaat aggcagtagt tgggagagag 1260
cctcaatatt gggggaaggg agagtgtagg gaaaaggatc cactgggtga atcctccctc 1320
tcagaaccaa taaaatagaa ttgacctttt aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa agttct 1376

```

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 111:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 30 (A) LÄNGE: 854 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

35 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

45 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 111

```

acgtatagtc gggctcgctg gtggagtagc tcagagtagg gggagcgccg taattgacac 60
atctcttatt tgagaagtgt ctggtgccct cattaggttt aattacaaaa ttgatcacg 120
atcatattgt agtctctcaa agtgccttag aaattgtcag tggtttacat gaagtggcca 180
tggtgtctcg gacacacctg aaactgtatc aaagtgtgac atatttccaa acatttttaa 240
aatgaaaagg cactctcgctg ttctctctac tctgtgcact ttgctgttgg tgtgacaagg 300
catttaaaag tgtttctggc attttctttt tatttgtaag gtggtggtaa ctatggttat 360
55 tggctagaaa tcctgagttt tcaactgtat atatctatag tttgtaaaaa gaacaaaaca 420
accgagacaa acccttgatg ctccctgctc ggcgttgagg ctgtggggaa gatgcctttt 480
gggagaggct gtagctcagg gcgtgcactg tgaggctgga cctgttgact ctgcaggggg 540

```

catccattta gcttcaggtt gtcttgtttc tgtatatagt gacatagcat tctgctgccca600
 tcttagctgt ggacaaaggg gggtcagctg gcatgagaat attttttttt ttaagtgcgg660
 tagtttttaa actgtttgtt tttaaacaaa ctatagaact cttcattgtc agcaaagcaa720
 agagtcactg catcaatgaa agttcaagaa cctcctgtac ttaaacacga ttcgcaacgt780
 5 tctgttatatt tttttgtatg tttagaatgc tgaaatgttt ttgaagttaa ataaacagta840
 ttacattttt aaaa 854

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 112:

10 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1681 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 112

ttcagctttt gccgaaatgg gtagtgatca cacacagtca tctgcaagca aaatctcaca 60
 agatgtggac aaagaggatg agtttggtta cagctggaaa aatatcagag agcgttatgg 120
 aaccctaaca ggcgagctgc atatgattga actggagaaa ggcatagtg gtttgggcct 180
 35 aagtcttgct gggaacaaag accgatccag gatgagtgct ttcatagtgg ggattgatcc 240
 aaatggagct gcaggaaaag atgggtcgatt gcaaattgca gatgagcttc tagagatcaa 300
 tggtcagatt ttatatggaa gaagtcatca gaatgcctca tcaatcatta aatgtgcccc 360
 ttctaaagtg aaaataattt ttatcagaaa taaagatgca gtgaatcaga tggccgtatg 420
 tcctggaaat gcagtagaac ctttgccttc taactcagaa aatcttcaaa ataaggagac 480
 40 agagccaact gttactactt ctgatgcagc tgtggacctc agttcattta aaaatgtgca 540
 acattctgga gcttcccaag gaggcagggg ggtttgggta ttgctatcag cgaagaagat 600
 acactcagtg gagtcatcat aaagagctta acagagcatg gggtagcagc cacggatgga 660
 cgactcaaag tcggagatca gatactggct gtagatgatg aaattgttgt tggttaccct 720
 attgaaaagt ttattagcct tctgaagaca gcaaagatga cagtaaaact taccatccat 780
 45 gctgagaatc cagattccca ggctgttcct tcagcagctg gtgcagccag tggagaaaaa 840
 aagaacagct cccagtctct gatgggtccca cagtctggct cccagaacc ggagtccatc 900
 cgaaatacaa gcagatcatc aacaccagca atttttgctt ctgatcctgc aacctgcccc 960
 attatccctg gctgcgaaac aaccatcgag atttccaaaag ggcgaacagg gctgggcctg1020
 agcatcggtt ggggttcaga cacgctgctg ggtgccatta ttatccatga agtttatgaa1080
 50 gaaggagcag catgtaaaga tggaagactc tgggctggag atcagatctt agagggtgaat1140
 ggaattgact tgagaaaggc cacacatgat gaagcaatca atgtcctgag acagacgcca1200
 cagagagtgct gcctgacact ctacagagat gagggcccat acaaagagga ggaagtgtgt1260
 gacaccctca ctattgagct gcagaagaag ccgggaaaag gcctaggatt aagtattgtt1320
 ggtaaaagaa acgatactgg agtattttgt tcagacattg tcaaaggagg aattgcagat1380
 55 gccgatggaa gactgatgca gggagaccag atattaatgg tgaatgggga agacgttcgt1440
 aatgccaccc aagaagcggg tgccgttttg ataaaagtgt ttccctaggg cacagttaac1500
 cttgggaagt tgggaaggat tcaaagctgg gtcccgttcc gtttcaggag gagggagggc1560

cgtttttcaa aggcagccca ggggttgagtt tgaaggggca gcctctttcg tcttttttca1620
 cgtttttccc acttttttgg ggaatccccgt ttacattttg agttccactt gggaagtta1680
 g 1681

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 113:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 10 (A) LÄNGE: 852 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 25 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 113

30 ggcaatttcc gttaggtgct gaaggctgtg ggcgcgggct gtccccattc ccacgtgaag 60
 cgctacgcta gcacgctcgc gctggcggct cccagctcgc cgcggagcag tcccggcagc120
 agcgggggac cggaagtggc tcgcggaggc tcagaagcta gtcccggagc ccggcgtgtg180
 gcgcctcgga gcacgggtgac ggcgccatgt ccctaattctg ctccatctct aacgaagtgc240
 cggagcacc atgtgtatcc cctgtctcta atcatgttta tgagcggcgg ctcacgaga300
 agtacattgc ggagaatggt accgaccca tcaacaacca gcctctctcc gaggagcagc360
 35 tcatcgacat caaagttgct cacccaatcc ggcccaagcc tccctcagcc accagcatcc420
 cggccattct gaaagctttg caggatgagt gggatgcagt catgctgcac agcttactc480
 tgcgccagag ctgcagacaa cccgccaa gctgtcacac gctctgtacc agcacgatgc540
 cgccctgccgt gtcattgccc gtctcacaa ggaaactgtg aaggggatgg gcaggaggc600
 ttgtgcaggg ttttgaagc agtgatctag tttcattaaa aaaagaaaac aataaaaaag660
 40 ccctgcacaa ggctacagc ccctctccct tctgtcgtt caatggacgt ggtggtggt720
 gttccacacc cttttgttg cagttcctgt gagacaggag aggtgagcc aagggaactg780
 tgaaggggat gggcaggagg gcttgtgcag ggtttgttaa gcagtgatct agtttcatta840
 aaaaaagaga ac 852

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 114:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 50 (A) LÄNGE: 1739 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

55

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 114

```
15 gaagcccgagg gcctggcgac gcgcacgcgg agcggagcgg cagcgcacgc gggcgatcgc 60
   ttcacggatg cggacgacgt agccatccctt acctacgtga aggaaaatgc ccgctcgccc 120
   agctccgtca ccggtaacgc cttgtggaaa gcgatggaga agagctcgct cacgcagcac 180
   tcgtggcagt ccctgaagga ccgctacctc aagcaacctg ggggccagga gcataagtac 240
   ctgctggggg acgcgccggg gagccccctc tcccagaagc tcaagcggaa ggcggaggag 300
   gaccocggagg ccgcggatag cggggaacca cagaataaga gaactccaga tttgcctgaa 360
20 gaagagtatg tgaaggaaga aatccaggag aatgaagaag cagtcaaaaa gatgcttgtg 420
   gaagccaccc gggagtttga ggaggttgtg gtggatgaga gccctcctga ttttgaaata 480
   catataacta tgttgtatga tgatccaccc acacctgagg aagactcaga aacacagcct 540
   gatgaggagg aagaagaaga agaagaaaaa gtttctcaac cagaggtggg agctgccatt 600
   aagatcattc ggcagttaat ggagaagttt aacttggatc tatcaacagt tacacaggcc 660
25 ttctaaaaaa atagtgggta gctggaggct acttcgcgct tcttagcgct tggtcagaga 720
   gctgatggat atcccatthg gtcccgacaa gatgacatag atttgcaaaa agatgatgag 780
   gataccagag aggcatttgg caaaaaatth ggtgctcaga atgtagctcg gaggattgaa 840
   tttcgaaaga aataattggc aagataatga gaaaagaaaa aagtcattgg aggtgagggt 900
   gttaaaaaaa attgtgacca atgaacttta gagagttctt gcattggaac tggcacttat 960
30 tttctgacca tcgctgctgt tgcctctgtg gtcctagatt tttgtagcca agcagagttg 1020
   tagaggggga taaaaagaaa agaaattgga tgtatttaca gctgtccttg aacaagtatc 1080
   aatgtgttta tgaaaggaag atctaaatca gacaggagtt ggtctacata gtagtaatcc 1140
   attgttgga tggaaaccctt gctatagtag tgacaaagtg aaaggaaatt taggaggcat 1200
   aggccatttc aggcagcata agtaatctcc tgccttttgg cagaagctcc tttagattgg 1260
35 gatagattcc aaataaagaa tctagaaata ggagaagatt taattatgag gccttgaaca 1320
   cggattatcc caaaaccctt gtcatttccc ccagttagct ctgatttcta gactgctttg 1380
   aaaatgctgt attcattttg ctaacttagt atttgggtac cctgctcttt ggctgttctt 1440
   tttttggagc ccttctcagt caagtctgcc ggatgtcttt ctttacctac ccctcagttt 1500
   tccttaaaac gcgcacacaa ctctagagag tgtaagaat aatgttactt ggttaatgtg 1560
40 ttattttatt agtattgttt gtgctaagca ttgtgttaga tttaaaaaat tagtgatttg 1620
   actccacttt gttgtgttgt tttcatttgt gaaaataaat ataactttgt attcgaaaaa 1680
   aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa gaggagaaaa agaggggaaa gggggaagag gagcaaaa 1739
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 115:

45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 805 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
50 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

55 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 115

ataggcgcac cccaaggtca gggtcacctc gagcctccag acaactgcgt caccttgacg 60
accaactgaa aaaaccggaa gggatggaag cagcggatca tctcgcgata tctggagcgt 120
ctgcgcctgc ctctctgacc tgggacttgt ttccagctct cgcgagactt tcaggggtcg 180
gagcgcgggg gccggccgag aggaaagctg gaggcgcggg tggggaacat gtctgagtcg 240
gagctcggca ggaagtggga ccggtgtctg gcggatgcgg tcgtgaagat agaatcctgg 300
taattgatgt ccacccgaga aatccctgca gatgttccag cctctgtcta gtccagatag 360
ccacaggaag ggtactggtt ttggattagg aattgttttc tcaactacct tctttaaaag 420
aagaatgtgg ccattagcct tcggttcttg catgggatta ggaatggcct attccaactg 480
tcagcatgat ttccaggctc catatcttct acatggaaaa tatgtcaaag agcaggagca 540
gtgacttcac ctgagaacat cccagcggga ggacaagaga aatcatgttt attcctcagg 600
aatactgaag tgccctggag taagctgcca ttcttctgta acaatgttat cagtaatgct 660
ttaaactcca gcacctggtt atgcatttga aaccaagtct gtttcttgtt ttgtattttc 720
tctctggaag ttgtaaggag gtggtcttaa ataaattaaa caaaaatagg aagtccaaaa 780
aaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaa 805

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 116:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1483 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 116

tgaaaaagac ccaacgccaa cacctgggtgc cttttgcagc cagcgcgccac ccattccgtgc 60
ccggaccctt gggaatgccc gcggctccag aggaaaaagc ccaggagcgg ggcctccgtt 120
gcgggggggc ggtgcttct tgggaacttt gtggtttccg gcgctggctg gctggctggc 180
tgtaaaagcac tgaagccccc cgcccgccaa cccctgaaag cagaacctgg cctccctggc 240
cacagcagcc ttaccaccgc ctctacgtgt cccgggcact tcccgcagcc ttcccgtccc 300
tttctcatcg gcctttagt tgtacagtgc tgttggttg aaaaaggtag gtgtggggag 360

tgcggctcat cactgagtag agaggtagaa tttctattta accagacctg tagtagtatt 420
 accaatccag ttcaattaag gtgatttttt gtaattatta ttatttttgt gggacaatct 480
 ttaattttct aaagatagca ctaacatcag ctcattagcc acctgtgcct gtccccgcct 540
 5 tggccccgct ggatgaagcg gcttccccgc agggcccca cttcccagtg gctgcttct 600
 ggggacccag ggcaccccg caccctcagg cacgctctc agctggtcac ctcccggtt 660
 tgccgttcag atggggctcc tgaggctcag gagtgaagat gccacagagc cgggctcccc 720
 taggctgcgt cgggcatgct tggaagctgg cctgccagga ccttccacc tggggcctgt 780
 gtcagccgccc ggccctccgc accctggaag cacacggcct ctgggaagga cagccctgac 840
 cttcggtttt ccgagcacgg tgtttccaa gaattctggg ctggcggcct ggtggcagtg 900
 10 ctggagatga ccccgagccc ctccccgtgg ggcacccagg agggccctgc cggaatgtgc 960
 agcctgtggg tagtcggctg gtgtccctgt cgtggagctg ggtgctgta tctggtgctc 1020
 gtccacgcag gtgtgtggtg taaacatgta tgtgctgtac agagagagc gtgtggagag 1080
 agccgcacac cagcgccacc caggaaaggc ggagcggtta ccagtgtttt gtgtttattt 1140
 ttaatcaaga cgtttccctt gtttctctat aaatttgctt cgtgtaagca agtacataag 1200
 15 gaccctcctt tggtgaaatc cgggttcgaa tgaatatctc aaggcaggag atgcatctat 1260
 ttaagatgc tttggagcag acagctttag ccgttcccaa tccttagcaa tgcttagct 1320
 gggacgcata gctaatactt tagagaggat gacagatcca taaagagagt aaagataaga 1380
 gaaaatgtct aaagcatctg gaaaggtaaa aaaaaaaaaa tctatttttg gacaaatgta 1440
 attttatccc ccatgggatg cttgggtatg gcggggggga ggc 1483

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 117:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 25 (A) LÄNGE: 1347 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- 35 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 40 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 117

45 tgaggctctc catgactgca agtgttatat tggactggat ggatcatgaag tccctttcat 60
 agccagagat tttgtgtggc tgctaaaatg cttacatctc tggctatgaa agggacttca 120
 tgaccatcca gtccaatata acacttgacg acagagaaac tgaggctctc catgacttgc 180
 ctagtctccc agctagtttg aggcaaaact ggattccac tctggtattc tttcttccct 240
 ttacatcatt ttccctcctt tataatgtcc tgagagacca gaactcacac cagaatcgat 300
 50 tattctcag gtgaagcata gactctttca tggtagacag atttcacgac tcagagatag 360
 aaatctcttg ctatcatcag gtcacgggca gctcctgtgg agtcctgccc aacttatgtg 420
 gcttcataaa aatggcaaca gtccaggctc cttgcctaatt ttttagagcat taactcccta 480
 attgccagta agcaaggagg tggatctctg caaacctaca ctgtctatga cagctctagt 540
 tgtacttggg gtgactaaat acctcaaagg caacctgctt ctgcagggtt tgaagtgtca 600
 55 gcttcataag aactgaggt ttagaattgt ttgattctag accataactg aagggcataa 660
 atggaaacag gatatgaagg gaaacaagta gcatcatgga gctgaaaagt ggtgcatcac 720
 ccaatggcta gcacaaacaa ggatcacact gtccattctc ttgtctgcta aattaagcat 780

```

tttcttgcc cctttgcttc atcttttcac aacagctgga tagagggatc agaaatgact 840
gtgtcatggg gctcattcac tgcaaacctc cagttgcaag ctccctggct cccccggagg 900
gagcaagaat ctcatagttc agagacacag agggcctttt agccctaata accttttggg 960
5 tgggactgca actcatgact atcctgatat tgggaagaaag gactttgtta atcttctccc1020
ccatagctct gctgcgtagg tctacatctt actcagaatc actacacatt cctttagtct1080
tcctccaagc tccagagcca ttggtacaaa tgctttattg aaactaaata cataatacac1140
acaatgagat gaagacaata tagaagtccg catagtcac ataatccgt tccttggccg1200
gttgaggcag ctcaagtggc gagcccagtc aagccaaccc gcagcttcac tcacgacttc1260
10 aagatttgat gctaattctt ttggatttct acagttatta aataagtgtc tgagtggaaa1320
aaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaat
1347

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 118:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 15 (A) LÄNGE: 1683 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 20 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 25 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

30

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:118

```

35 aattcggcac gatgggggga atctccgacc ccgacaccct acacatctgg aagaccaaca 60
gccttcctct ccggttctgg gtgaacatcc tgaagaaccc ccagtttgct tttgacatcg 120
acaagacaga ccacatcgac gcctgccttt cagtcacgcg gcaggccttc atcgacgcct 180
40 gctccatctc tgacctgcag ctgggcaagg attcgccaac caacaagctc ctctacgcca 240
aggagattcc tgagtaccgg aagatcgtgc agcgctacta caagcagatc caggacatga 300
cgccgctcag cgagcaagag atgaatgcc atctggccga ggagtcgagg aaataccaga 360
atgagttcaa caccaatgtg gccatggcag agattataa gtacgccaag aggtatcggc 420
cgcagatcat ggccgcgctg gaggccaacc ccacggcccc gaggacacaa ctgcagcaca 480
agtttgagca ggtggtggct ttgatggagg acaacatcta cgagtgttac agtgaggcct 540
45 gagacacatg gagagttggt caggctgctg ctgggagaaa tggacgcca ctgggcctca 600
acttgatctt ctaccccgct cctgtgactc agactgggaa atactgagca gagacggctg 660
gggcgggggc aggaggagg gctgctctct gagacagggg cggccccgcc ttgacccctg 720
ggcacctcca tcccctccca cctgtcccca gatcagctc tgggatggag gccagagagc 780
50 tggtcaggct ccccatctg ccagcacgg cctgcaactgt gccacccac ttgctccaca 840
acgtccagtt ggtcctgctg ccaagagccc cgtgcaccca ggcggccaag cacaactgg 900
gggagaggag gccgccagcc cggaggctgc agcccagaaa ctctacctca tccacactgg 960
75 tgcagggagc cctccttgaa ctgacctttg attggtttct gcttcaacta ccaaaatggt1020
atctccactt cccctcacc cgtagaggat cctggccaca gacagtttca agtagtgtca1080
gatttttgtt gcttgggagg ctgttggtag agtgggcagt gcccgcgcca tgggggtgctc1140
55 tgtgggcttc tccaggagca gggagggtgg aggggaggga tggggggcac aggagctggg1200
agccccgtct ccaggaaaag gagaggggtt aagatgcacc gaggctgtag ctgggctact1260
tgatcttgct gaaagtgttt ctaaagatag caccactttt ttttttaaag cttttatata1320

```

ttaaaaaacg tatcatgcac caactgtgaa tagctgccgc ttgcgcagag gacccgggga1380
 ggggtcccga gaggtctccc atgcaacact ggaaatgact gttccagaga gcgggcagac1440
 ctggcagagc gcccctggcg cctgagacta ccaccactc cgttcctgcc agaaacgacc1500
 ctctgtggcc gatgggcat gggggccct cgcagccaac tcagccagtg ttgggactgg1560
 5 ctcagagccc atgggggctg gaggggggca gctgggactc tggaatcttc ttataataa1620
 aagccttacg gacaaaccta aaaaaaaaaa aacaagacaa gagagggaaa gggaaagaag1680
 ggg 1683

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 119:

10

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1355 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

25

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 119

acaagcatgg aagctttact gtttcggctc ttcaaacttc cagcaactac actgcggtgc 60
 atcggacttc gacgcccgt ggtgacgcac acgctgcgcc ggaagtgtga acacaaagcc 120
 35 tccaggtctt gtcattggcg ctgctgctgc acgctggaac catgtgtggg tcggcaccga 180
 gactgggac ttgaaagggg taaatcttca gcgaaaacag gcggcgaaact tcacggccgg 240
 aggacagccg cggcgcgagg aggcagtga cgcctgtgt tggggcaccg gcggcgagac 300
 ccagatgctg gtgggctgcg cggacaggac ggtgaagcac ttcagcaccg aggatggcat 360
 attccaggt cagagacact gccggggcgg ggaggcatg ttccgtggcc tcgcccaggc 420
 40 cgacggcacc ctcatcacat gtgtggattc tgggattctc agagtctggc atgacaagga 480
 caaggacaca tcctctgacc cactcctgga actgagagtg ggccctgggg tgtgtaggat 540
 gcgccaagac ccagcacacc cccatgtggt tgccacaggt gggaaagaga atgctttgaa 600
 gatatgggac ctgcagggt ctgaggaacc tgtgttcagg gccaaagacg tgcggaatga 660
 ctggctggac ttgcgggttc ccatctggga ccaggacata cagtttctcc caggatcaca 720
 45 gaagcttgtc acctgcacag ggtaccacca ggtccgtgtt tatgatccag catcccccca 780
 gcgcccggca gtcttagaga ccacctatgg agagtaccca ctaacagcca tgacctcac 840
 tccgggaggc aactcagtga ttgtgggaaa cactcatggg cagctggcag aaattgacct 900
 tcggcaaggg cgtctactgg gctgtctgaa ggggctggca ggcagtgtgc gtgggttgca 960
 gtgccaccct tcaaagcctc tactagcctc ctgtggcttg gacagagtct tgaggataca1020
 50 caggatccag aatccacggg gtctggagca taaggtttat ctcaagtctc aattgaactg1080
 cctcctcttg tcaggcaggg acaactggga ggatgagccc caagagcctc aagaaccca1140
 caaggtgccc ctagaagaca cagagacaga tgaactttgg gcatccttg aggcagctgc1200
 caagcggaag ctctcgggtt tggagcagcc ccaaggagct ctccaaacga gacggagaaa1260
 gaagaagcgg cctgggtcca ccagcccctg acgcccctgt gccactttg taaataaact1320
 55 gctgaacacc caaaaaaaaaa gaaaaaaaaa agggg 1355

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 120:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1816 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 120

```
25  ggtcagagag attctgaaaa gtaatccaaa gtgttccgta gctaaacatg gtgcaggctc 60
    gttgtaccac tgcaaccgac tgacgttact gtagttccta gaatgctgtg agggcggggg 120
    gttcagatca acataaagcc taacttgctg gagttgtagt ctcaaggctt tctctcttgc 180
    ttaactaaaa cctaaggacc actgtttttg gtagcaatta tatggttact atccactgca 240
    gtccctcagtt gttggggtaa atcccacatg gcagagtaag gcaccccaca gaaattaact 300
    tggagagcct gagaaattcc cagtggcctt gttcttcac ttcgttttct gctgtcccaa 420
30  aaaatttaat tctgtccctg gccagctatt gttcttcac ttcgttttct gctgtcccaa 420
    ggccagatga gtggaatcac catctgactg ttgtcaataa aatgtatctg gcgtgaacag 480
    caggataacc catgtttctc acataaggat aaccttacgt gaaaccttcc tgcgtgacaac 540
    catgcagagg aatttttcca cttaagttag agccttctc cccatctgga attcacagct 600
    gtcccttggc agcacacagg agggatttaa ggaccttgt gaggttaggt aactgtcca 660
35  cactctttg gggaggttac gattttttt ttccatcata attcagtctc ttcttattct 720
    acagtgtgca ctttatgcct ctgcctttt gataatagtt gttcagtga ggaagtgcgc 780
    tgccagaata ttaagaaggg tctcccttta tgctcagtaca actgttaggg cggccttccc 840
    atttacttta ggtttcaaga ggattcaccg gaagcacatg ccccggtcta gtcccatttg 900
    aaacagttct gctttactga gaccctaggc cggctcctt gctgacctta gcgtgctgc 960
40  ctaggtgccca tttcctttcc tctcagtca aatacaggct gcacattttg tcacttaatg1020
    ccagtacaat ctgtgttact cctaaggact tttgggattt tgatgagacc tgcgaggagg1080
    aagacactga gaagccagtg atctgcaagc atttgctctt gtttccacat cactctggg1140
    atatttcagc tggtgtttcc aaatggcaaa tcatcaacta aaagcacttg tttcaagttt1200
    tgttctgcac tcccacgact gaagttgtag attgagctga ataaccatgg gaagtgaacca1260
45  agcaaagaca ctcgattgga gtcagttgaa tatttgtacc ctgagtgagg cccttctggt1320
    cttttcttcc acttctgcag aatttctct agcaaatact tctttctcct tgcttgctc1380
    caccatgata tttgaataag agatggccag aggataacac ttgtctctta aaaactaagc1440
    taataaagaa ctagaacctt caattgagca gttgtgaaaa ttgctaattg tgccaaggcc1500
    aagcaaaagag tttcagaaaa tgactgagaa ggagcgataa cccccagaat gcaaaatcag1560
50  gggcatcatt atccggtgct tgaacaagga gctccgctct acaactgggt tttttaggac1620
    ttgtgaggaa cacagcaacg gaaatccatc cacaaaggat gcagtgcccc aacttgtacl1680
    gcgcctgaat agtcatgtga taatttactg aagaaatcta gtgtacttta aatttttttc1740
    ataaaagttt acattgtatt gtaggttaac attaaatggt ttatagcaaa aacttcaaaa1800
    aaaaaaaaaa aaaaaa 1816
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 123:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 740 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:123

```

25 tttagaattc agcatagggt gaggtcagaa agcaattcag gcatgagcca ccgtgcccg 60
cttcacaccc atttctttaa aaaggatccc gtagcaggca gaaaagcccc ttccatcctg120
ctcctctgat actgtgcccc cttggagata ttccgctcct ccaccacgt gtctgtggct180
ggaactgccc agcctgctcc tggccccctg gaagcctccc cacagctggt aatctggact240
taaggattgc tgggccaccg cctctctgcc taccaccatt ccatatttaa gtggagcccc300
tacgtagaaa ggccccgggg ctttatttta gtctccttt cagggatgtc gtgggcgggg360
gagggggttc ttggtgctac agccctctcc ccaccctaa agggacgccc acgctgttg420
30 ctgccttcac cacatattag tgcttgacct tggcagggga ccccatggaa aagatgggga480
agagcaaaat acatggagac gacgcaccct ccaggatgct cgctgggatt cccacgcccc540
ccactgtccc ccaccccatg gctgggaggg gcctctgaac ggaacagtgt cccacagag600
cgaataaagc caaggcttct tccccaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aagatagggt660
35 agttaaggcg gccgaaagt ttttccctt tagtaagggt tagtttttag tttggggttg720
gccttcgttt ttaagaacgt                                     740

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 124:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1493 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 124

```

aacacctgcc ctctgtcagc gcttttaggga gggcggtcca ggcgccccgg agcaggcaga 60
gtgcgtggag ctgctgctgg ccctgggcga gcctgcggag gagctgtgcg aggagttcct 120
ggcgcacgcc cgcggccggc tggagaagga gctgagaaac ctggaggccg agctggggcc 180
10 ctcacctccg gctcccagc tgttagagtt caccgaccat ggaggcagtg gcttcgtggg 240
cggcctctgc caggtggcgg cggcctacca ggagctgttt gcggcccagg gccagcagg 300
tgccgagaag ctggcgccct tcgcccggca gctgggcage cgctattttg cgctggtgga 360
gcggcggtcg gcgcaggagc aggtgtgtgg tgacaactca ctgctggtgc gggcgctgga 420
cgccttcac cggcgcttgc gggctccggg ggccctgctg gccgctgccg ggctcgcaga 480
15 cgctgccacg gagatcgtgg aacgagtggc ccgcgagcgc ctgggccacc acctgcaggg 540
tctccgggcg gccttcctgg gctgcctgac agacgtccgc caggcgctgg cagcacctcg 600
cgtggctggg aaggagggcc ctggcctggc cgagttgctg gccaatgtgg ccagctccat 660
cctgagccac attaaagcct ctctggcagc agtgacacct ttcaccgcca aagaggtgtc 720
cttctccaac aagccctact tccggggtga gttctgcagt cagggtgtcc gtgaggccct 780
20 catcgtgggc ttcgtccact ctatgtgcca gacggctcag agcttctgcg acagccctgg 840
ggagaagggg ggtgccacac cacctgccct gctcctgctg ctctcccgcc tctgcctgga 900
ctacgagacg gccaccatct cctacatcct cactctcact gatgaacagt ttctggtgca 960
ggatcagttc ccagtgcgc ccgtgagcac gctgtgtgca gaggccaggg aaacggcgcg1020
gcggctgctg acccactacg tgaaggtgca gggcctggtc atatcacaga tgcgcaal080
25 gagcgtggag actcgcgact ggctcagcac tctggagccc cggaatgtgc gggccgtcat1140
gaagcgggtg gtggaggata ccaccgccat cgacgtgcag gtggggctcc tgtacgaaga1200
gggtgttcgc aaggcccaga gcagcgactc cagcaagagg actttctccg tgtacagcag1260
ctctcggcag caggccgct acgccccag ctatacccc agtgccccga tggacaccaal320
cctcttgagc aatatccaga agctattctc tgaacgtatt gatgtgttca gccctgtgga1380
30 gttcaacaag gtgtcgtgc tgaccggcat catcaagatc agcctgaaga cgcttgctgg1440
gagtggtgc gggctgcgaa ctttttggc ctttgcggg cttcaacaag ggg 1493

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 125:

35 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 250 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
50 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

55 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 125

ccagactgaa ttgtcagtga gcggatctga gggcggtgtg gaggggccag tggggcttgg 60
 ccgagatgga caaccggatt ccttatgatg actagccggt gggttcttgc ctgcctatga120
 gaatcctcca gcatggaatc ctctcatga gaggtacac agccggacta caacgatgag180
 5 ttgaccaggt tttggcccga accatcacac tgaagaagcc tcctggagtc attgggatta240
 agatcgaggg 250

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 126:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 10 (A) LÄNGE: 1202 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 15 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 20 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

- 25 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 126

30 tcgggggggag cggcgcgggcg gcgcgggagt tggttctaaa gagggtgag tcagaagaga 60
 cgtagcagcag caagcgactt gggccatggc ctctgaccta gacttctcac ctccggaggt 120
 gcccagagccc actttcctgg agaacctgct acggtacgga ctcttcctgg gagccatctt 180
 ccagctcatc tgtgtgctgg ccacatcgct acccatctcc aagtcaccag aggcggaggg 240
 35 tgaaccgtct gagccagaa gtgctgaggt gacgaggaag cccaaggctg ctgttccttc 300
 tgtgaacaag aggcccaaga aagagactaa gaagaagcgg tagaagagga ggcctgagga 360
 gctgggcggg caggagaggg gtcttgggga cagccctcct gggaatctac attgtgttcc 420
 cccgcattcc aggtcaggg tctgaggagg ctgtgacgcc ctatgaccgc agagatctag 480
 acagtcgtaa cagtccccag gctccagctg ggcaatccac cacttctctt tccttctgct 540
 40 tctgtgacgg tttagagtca agggggctga aacacactgt gagcatagac tgtattaggt 600
 ttgttcagaa gccgggtcag ctcacagagt cacattttct tgcttagtca tgtgtccctc 660
 cttgagttgc cccctccttg tgggtttaca ctacattttg gaggcattgt ctaatgctga 720
 caagcacacc ctctcccat atttgtgcac tacagatctc ctgctgatca gtcaccttg 780
 ttgctgctgt gtagacagag ccaggcctca cctgtttgtt taggccaaga tgccatggac 840
 45 atgcagcgtt agtgatccca ctgctgtga cagccaggcc cagaaaatgc ctggcgtgag 900
 agccagcaga cagccaggcc aggggtaggc agtgccctgct tctgctccat cagggtcagg 960
 ggatttggct gaaggcgtgc atatttcttg ggcacaaact tctgagcct ctgaaatggg1020
 aggtcgtca atttcagacc aacctctttt caaccatca tagcacgttc aagggtgtgcc1080
 ttttacttct acctgtacat ccccatccc ttcaattctt tcattccctg accagtgagall140
 50 gggttcctgg ggggaagtat gtgaataaac tgacatgcat gcttcagaaa aaaaaaaaaa1200
 aa 1202

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 127:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 55 (A) LÄNGE: 1014 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 127

20
 cccttttttt ttctttttga gatgggggga aagtcctagc aaaaggcagg agtttagcatt 60
 ttcctttaac aagactttct aatgctaacc aaagaccaac ttctttttaa aggggttggt 120
 ttgggttggt gtgaaaaata ctgtactgta atgatctgct tgggttttaa gcaaaagaga 180
 tcctgacatg tgaaccacat acacacaaat gccaaagtcca caaatgaaca aaacaagtgc 240
 25 ttaaaaaaaaa aattctttctg ctcttatatt ttggaggaa gctgctgatt ttggctgtca 300
 gatttcactt agaaatgggc actttctgag atgctttttc ctacacagaat ctgtagataa 360
 actcattaaa agattgtccc atttcaaaat caccaccaag tctagcagca ctgttttttt 420
 ttttttttagt tttgttttta aaattacaaa ccaagtaaga agtocaacat cctcttccat 480
 gaacagcttt gtgacagagc tcctgagtggt gtgcagcccc cactgtgctc tgaatacagt 540
 30 ctctgcagct ccagtggtgc ctcttttcag gaaggaaagc atattcaata cattcactat 600
 ctgtaccccc tggaaacttg acatgctgac gagctattat aagccaactc atccccagct 660
 ctcttccggg actggtcacc ccttgtaaaa ccattctgta taagttctct ttgaaatttc 720
 tgatcttgag cagcatattc agaaagttca gattccaccg ccggaggagg aatgttttga 780
 ataaatttag aaaatagagt tggagccatc tgaacccact ctggtctgag ggtatacagg 840
 35 cctttcacaa tatttgccat agttgaaggt gtgacctgaa atggtgttga ctgggcttct 900
 aaaagtaaag gcattaggcc gtaaatgtgc ttttctgcaa catgttccgt aaacagcttt 960
 ataagggcac cttaagccc gggtaagctg gtccatggga acctatcggt ttg 1014

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 128:

40 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 1171 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 45 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

50 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

5 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 128

```
10  caccaaatta atcagggtta cagacagggt cccaccggta ttcacattct tgttagtgat 60
    cagatggttc agaattttca agatgagagt tgttttttat tctccacagt aaaagctgaa 120
    agtagtgatg gcatccacat aattttgaaa tgatgtctta tatagactga actgtattca 180
    gtaccaaata gtcacgctta aaagtgtgtg aagactgaat ccaagaagtc ttgggattgg 240
    attttaccat atgaaatggt tcatattgaa aacacaagat gacctttcta atgagctgta 300
    tgagagggtga atctcctcac tgtcactgcc atagccaagc atcctcatga gagtgagcac 360
15  atcggcacag catgcatcca gctctggagg ccacggtgca ggcatagctg cctgctgctc 420
    tggcagaggc cagtaaatac agttcctaga agcagccttt gctgtctttt tacactgtat 480
    gcggttttga aatgaatgta gaaacttact gtgggcattt acctttctgt gccagtttgg 540
    cttttattgc ctgaacctta tgcctgacct gagaggagat gggggacagt gctgttgggg 600
    ggccagcagt gaatctgtat gcggagagtt gtgttgtgct gatgtggccg ttggtgggtca 660
20  ggtaagaaggc tcggcacctt cttggaagaa atcatgtctg aggggtgacg ttgatatga 720
    tcatgccaga ttggagaaga tccaagccag gaagatgggc ttgaagcaaa ctgcattatc 780
    aggagtacct tggtagagag atcagtgtaa atcctaatag gtacaaagac ttttgtgttt 840
    tggctttgtc acagatttat tgaaaaactt ttttgcttct gcttccattt ttagcatttt 900
    agtttctggt tttcattttt ggagattcct tgccttttaa actcgtgggt tttctctcat 960
25  tttcttccct ctctccctcc atctctgacc acccccaccc taacccccca cccccaccat1020
    cctattaaac atttttaaag ccctacccca gacattggga aatagggtgga cccaagtagg1080
    gggggaggaa agtattgatt tgtttggata ggcttgtgga ttaggggtgtt aaggggttct1140
    tggattatgg aacaagggtg aatttttttt g                                     1171
```

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 129:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 353 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

35 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

50 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 129

```
55  ggccgggacg cagggcaaag cgagccatgg ctgtctacgt cgggatgctg cgcctgggga 60
    ggctgtgcgc cgggagctcg ggggtgctgg gggcccgggc cgccctctct cggagttggc120
    aggaagccag gttgcagggt gtccgcttcc tcagttccag agaggtggat cgcattggtct180
```

ccacgccccat cggaggcctc agctacgttc aggggtgcac caaaaagcat cttaacagca240
 agactgtggg ccagtgcctg gagaccacag cacagagggg cccagaacga gaggccttgg300
 tcgtcctcca tgaagacgtc aggttgacct ttgccaact caaggaggag tgg 353

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 130:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 10 (A) LÄNGE: 205 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 25 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 130

30 cggctgagcg gccccgcagc caacccccga ggagcggccg gctggcgtgc cgctggcgcc 60
 caggagtgg ggatgtccta caaacccatg cgccccctggc tgcccagcag cccccctgg120
 tctgccaggc accccctggg gcccggggca ccccggttcc ctgacaggga ggcgtgcgcg180
 tgcccggtgc ggggctgcag tgtcc 205

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 131:

35

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 40 (A) LÄNGE: 211 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- 50 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 131

5 aaatcacctt acaaccatt tctcagaaca tggttctatt gttaaacaac acacaactat 60
 tttatttatg tggtttatgt atgcctgac accaatatca ataactgaaa cacagcagtt120
 tagtaataat ttaatacaca ccataacctg cctattgaga atggcattat atttgttttc180
 attgtagtgg ctccatccaa aataaaatga t 211

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 132:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 867 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

15 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

30 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 132

gtcttcccaa gatggagatg ctaacgaaac tgagaagggg gcgtatgttt gacgaaggtt 60
 35 tgtgcaagtc aggcccttct ggaacacagc agggcctaca acgaggggccc tttgcatggt120
 gctgtgagga tgggggtggt gggagaatg gccacgtta gagaccccat gccacccac180
 catggtgagt gctctgtgcc tcctgctcac ctgtggtgag tggcgagct gggcgagctg240
 ggcgagctgg gctggggaga gcctgtgagg accgagagga gaaatgagaa gaaggaacaa300
 aaatattatt tctatgtaat ttatatttta cttatgcaa attatttatg ataatttgcc360
 40 attgctatac tgtaccagtg tcaaatgctg cagcctgcc aagctgtgatt ttgtgaggct420
 tgtccctatg taggatgcac cgacggcccc tggccactga aagagtgtgc agtggactgt480
 gggctctcca tatgcggtgc cgcccaaagg tggctttgcc tcaagcaacc taccctgatg540
 ttttactcat tggaaatgtt ttccccgatt gtggatgact tcttttctga tggagagagt600
 ccaggaggga tggaaaacgc ctggatttaa gctcagcat cccacatgg gcttttcgat660
 45 catcttcagg cctgaagctg cacgacctga agttgcctg catttatcag ccctctttgt720
 gctgctcctt gccaccttgg ggttcctgct ggggacctg tgtggttgtg gcatgtgtga780
 gcagaaggga gtagtgaggaa aaaagagaag gaaaccccc ttagtgacaa gtgttttttt840
 gaggttgccag gttttgccat cattaata 867

50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 133:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 257 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

55 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

5

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

15

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 133

20

```
aattcagact cccattctta acttggcatt tttgtagctt acaggaacca gcttggtgta 60
ccttctctta tgagatgcag ctggaaagcc atttatgcaa gaggtggttt cacttttgtc120
gctcctccat tcattgaccc ttcagccttt aaaaaattag aatgtgaaaa ttagtagcaa180
agagtgcaga gatattagct taagggataa ataaatgaaa gtagcaagta gctcattatt240
tatgaagagt aataatt 257
```

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 134:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 204 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

30

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

45

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 134

50

```
gactggctca tggcctctgt aaatggctgc tggcgggact gtctgcctag cgggtgccct 60
tggaacctag cccttggtgg gttttgagga aatgattcct gaatgaggag tcgattgccg120
tgtgaagggc tggtagcacg gcaccgcgt gagctacgcg tgccctcagt gcgcttctgg180
attgactggc catgggtgct caca 204
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 135:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 245 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 135

25 ttgcaccatg gtaaacgtgg ataatacagt atcatttttg agcagttttt taaatgtaaa 60
tctgtatcctt actcagagtg tgtgtctgaa gttattaagg acatttccca acgttactgg120
cccatttccc ttgtaatca gaggaattct gtttcaagat tattgttggtg tgtgatctgt180
ggctcttgat cagaatgaag ttaaatggcc acaggaggat taagctatga ggttggcatt240
tttca 245

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 136:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 35 (A) LÄNGE: 1637 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

50 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 136

```

5  ggggaggagac gagtatggaa ccctgaaggt agcaagtcca ggccactggcc tgaccatccg 60
   gctccctggg caccaggtcc caggcaggag cagctgtttt ccatcccttc ccagacaagc 120
   tctattttta tcacaatgac ctttagagag gtctcccagg ccagctcaag gtgtcccact 180
   atccctctctg gaggaagag gcaggaaaat tctccccggg tccctgtcat gctactttct 240
   ccatcccagt tcagactgtc caggacatct tatctgcagc cataagagaa ttataaggca 300
   gtgatttccc ttaggccag gacttgggccc tccagctcat ctgttccttc tgggccatt 360
   catggcaggt tctgggctca aagctgaact ggggagagaa gagatacaga gctaccatgt 420
10 gactttacct gattgccctc agtttggggt tgcttattgg gaaagagaga gacaaagagt 480
   tacttgttac gggaaatatg aaaagcatgg ccaggatgca tagaggagat tctagcaggg 540
   gacaggattg gctcagatga cccctgaggg ctcttccagt cttgaaatgc attccatgat 600
   attaggaagt cgggggtggg tgggtgggtg gggctagttg gggttgatt taggggccga 660
   tgagcttggg tacgtgagca ggggtgtaag ttaggggtctg cctgtatttc tgggtcccct 720
15 ggaaatgtcc ccttcttcag tgtcagacct cagtcccagt gtccatatac tgcccagaaa 780
   agtagacatt atcctgcccc atcccttccc cagtgcactc tgacctagct agtgccctgt 840
   gccagtgac ctgggggagc ctggctcactg gccctcactg gtccctaaa ccttgggtggc 900
   tgtgattcag gtccccaggg gggactcagg gaggaatatg gctgagttct gtagtttcca 960
   gagttggctg gtagagcctt ctagagggttc agaataatag cttcaggatc agctgggggt 1020
20 atggaattgg ctgaggatca aacgtatgta ggtgaaagga taccaggatg ttgctaaagg 1080
   tgagggacag tttgggtttg ggacttacca ggggtgatgt agatctggaa cccccaagt 1140
   aggctggagg gagttaaggt cagtatggaa gatagggttg ggacagggtg ctttggaatg 1200
   aaagagtgac cttagagggc tccttgggct tcaggaatgc tcctgtctgt gtgaagtga 1260
   gaaggtgctc ttactcagtt aatgatgagt gactatattt accaaagccc ctacctgtg 1320
25 ctgggtccct tgtagcacag gagactgggg ctaaggggccc ctcccaggga agggacacca 1380
   tcaggcctct ggctgaggca gtagcataga ggatccattt ctacctgcat ttcccagagg 1440
   actagcagga ggcagccttg agaaaccggc agttcccaag ccagcgctg gctgttctct 1500
   cattgtcact gccctctccc caacctctcc tctaaccac tagagattgc ctgtgtcctg 1560
   cctcttgctc cttgtagaat gcagctctgg ccctcaataa atgttctctg cattcatctg 1620
30 caaaaaaaaa aattttc 1637

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 137:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 35 (A) LÄNGE: 260 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 137

55

```

aaaagcatag ctactctgt aataggctat ttctatgatt tcaagtgggt ttatgaagaa 60
acagaaagca gtgatgatgt tgaagtgtg actctcaaga aattcaaagg agacctggcc 120

```


tacagacgac aagagtatca ggtagaattc aacatatggt gcttgaagtg ggctcttggt180
 ttatcagtta tggcatatgt aaataacagt gtaccaagtt agtgtggtgt ttatgaagat240
 gagtttaatc ttttgtgatg 260

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 138:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 10 (A) LÄNGE: 957 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 25 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 138

30 ggggaatttg tctttggaag gcttgtgcaa cctctacaac tggcgataga agaattctagg 60
 aaacttaccc catgtgcagc tcttgccaga gtttagtaca gcaaatgctg gcttactgta120
 tgacttccag ctcattaatg ttgaagattt tcaaggagtg ggagaatctg aacctaattcc180
 ttacttctat cagaatcttg gagaggcaga atatgtagta gcacttttta tgtacatgtg240
 tttacttggg taccctgctg acaaaatcag tattctaaca acatataatg gccaaaagca300
 tcttattcgc gacatcatca atagacgatg tggaaacaat ccattgattg gaagaccaaa360
 35 caaggtgaca actgttgata gatttcaagg tcaacagaat gactatattc ttctttctct420
 ggtacgaacc agggcagtg gcatctgag ggatgtccgt cgcttggtag tggccatgtc480
 tagagccaga cttggacttt atatcttcgc cagagtatcc ctcttccaaa actgttttga540
 actgactoca gcttccagtc agctcacagc tcgccccctt catttgcata taattccaac600
 agaacttttc ccaactacta gaaagaatgg agagagacca tctcatgaag tacaataat660
 40 aaaaaatatg cccagatgg caaactttgt atacaacatg tacatgcatt tgatacagac720
 tacacatcat tatcatcaga ctttattaca actaccacct gctatggtag aagagggtga780
 ggaagttcaa aatcaagaaa cagagttgga aacagaagaa gaggccatga ctgttcaagc840
 tgacatcata cccagtcaca cagacaccag ctgccgtcaa gaaactccag cctttgagcg900
 tgagagccgc cccggtgggg aaggggcaat tgcgttgggg gggcttgggt gtttttt 957

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 139:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 50 (A) LÄNGE: 760 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

55

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 139

15 gtggaatata atagatatata atttgtggtt gggtttttctg cctgctttaa atgaaatgta 60
ttatgtttct gggtttccttt ttttagctgta aaaatacttc gtcactaaag catgaaattt120
aatcagcagt tgttcttcaa gttcctgaaa gctataaaaag tttctcatga cttgagtgg180
tttttccctg cccaccagag gagaaagccc ttgtagaatt ctgcagtgtt acaagtgttc240
cctacaaaaa ctgaaaccat cagctcctct ttaacaagtt ggctttttaa aagcacgtaa300
20 ttacaattta atggtattct gtaaagtggg gctctaggca taatttaaatt tctttttaat360
gactatattt cttcaaaact ttgaaagaaa aatgtgttct ttttgcgtgca tcctttgtaa420
gaagactgcc aacagaggaa aaaggacttt acaaattaag accatcttgg tttcattttcc480
acaaagatga gaacaaatca tgggtttagg aaaggatcct tagaagaaca caagaatttg540
aaagcccttg gtggttatca ctactatatt tcatatttcc acagaagtga cttagccaag600
25 ctctgcattt tgagcctgct gactttcatt taaaaggaat gaaaggctga aaatccaggc660
tgctgtgtct gtagataaag gtcaaaccat gtttgagttc ttcaactgtt tgtccaccta720
aataaaaactg agtaagtaat gaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 760

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 140:

30

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 280 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

35

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

45

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 140

aggaaccctc cggcctagaa gttcagatgt cttgccaata tatctgtgct tcacaacttg 60
cctactctct ctgacccta acattttcac atacttttcc aattctgcct gtcataaatt120

tgctgcttcc ccctaagtag aatgttgatt cctgtcaaac acacagccta gccctgattc180
 ctctcttctct ctcaagcagt gatattgtca acaatgataa acaactacta tgtactgagt240
 gtttttttat gtgctgctca cactttatac acatgtatag 280

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 142:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 10 (A) LÄNGE: 461 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 25 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 142

30 gcggcgcgtc gagggaagca cccgcgggtt ggccgaagtc cacgaagccg ccctctgcta 60
 gggaaaaccc ctggttctcc atgccacacc tctctccagg tgccctctgc ctcttcaccc120
 cacaagaagc cttatcctac gtccttctct ccatctatcg gaccccagtt tccatcacta180
 tctccagaga ttagctatt atgcgcccgt ctacagggg tgcccagcga tgacggtgcc240
 ttcgcagtc aattactctt cgggtcccaa ggtttggtt tcacgcgctc cattgccccg300
 gcgtggcagg ccattccaag cccttcggg ctggaactgg tgcggagga gcctcgggtg360
 35 tatcgtaacg cctggtgttg gtgttgctc actcctctga gctcttctt ctgatcaagc420
 cctgcttaaa gttaaataaa atagaatgaa tgataccccg g 461

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 143:

40 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 436 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

5 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 143

10 caaagatgtc atgtggccag aatcatcttt tagtctcacc actccacact gatgggcaca 60
tagaggtgtg agttgggaag ttgttaaata caagaggggt tgagcttctg gagaagagga120
aaatgtaaaa gtattttttc ctttaagaaa gataaaaagg taagcctaaa ccttggcggc180
caccgaagtc agctgttacg catgtgtagt taaatttcac tgtaaattatt tcataagggt240
tcttagaatg gagccagggt gacatcacag cccaactgt accaaaggaa ccatttcatt300
15 caaataagcc aacattttcca aagaaacacg aatgtctatg gcagaggtta cataagggtca360
gaaaatcctc tggagaagaat ttcggtatca atgtttataa tctctgcatt taggggtttg420
ccagtttggg caaaaa 436

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 144:

20 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 287 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 144

ctttaaagta gggctgtgga agggggatat agtagagggg gagagggctg ttttatacac 60
gtataaatgg tatacccat ttatacacgg tggtcagaga agctctgac aggtgacgta120
tgtacagaaa gtcactgtgg cctgagtaga gtcaaggaga aggagcagca agagttgagc180
45 ttagggaggt ggagaagggg tggaatagat caagcaagac cttggccctg gtagggatct240
gggattttaa gtgagaggac aaccgttggg atgttgtgag cacagaa 287

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 145:

50 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 555 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 145

ggcgacgcct cggtagtgac ctctgcagag ccgggtggag cccattgacg tccagcgaac 60
gaggagcagc gatggacggt cgggtgcagc tgataaaggc cctcctggcc ttgccgatcc120
20 ggccctgcgac gcgtcgctgg aggaaccgga ttccctttcc cgagacggtt gacggcgata180
ccgaccgact cccggagttc atcgtgcaga cgggtcccta catgttcgtg gacgagaaca240
cgttctccag cgacgcctcg aaggtgacgt tcctcatcac ccgcctcaca gggcccgccc300
tgacgtgggt gatccctac atcaagaagg agagccccct cctcaatgat taccggggct360
ttctggccga gatgaagcga gtctttggat gggaggagga cgaggacttc taggccggga420
25 gaccctcggg cctgggggcg ggtgctctgg ggagggtccg ctgtgttact ggccgcgcc480
agggtcgcca ccggcgccct ccctccgcga gtccctcccc ctcgaaaccg ccgcgaagtc540
ccctgcggtg ctgtt 555

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 146:

30

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1790 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

35

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

40 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

45

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 146

agtgagaaag cagggactct tcggcctagg cagccgggac ccagccagcc ctgcgcctcg 60
cgccgtcgcg catgcgtcct ggtctttctc tagagttgta tatatagaac atccctggagt 120

```

ccaccatgaa cggacagttg gatctaagt ggaagctaatt catcaaagct caacttgggg 180
aggatattcg gcgaattcct attcataatg aagatattac ttatgatgaa ttagtgctaa 240
tgatgcaacg agttttcaga ggaaaacttc tgagtaatga tgaagtaaca ataaagtata 300
aagatgaaga tggagatctt ataacaattt ttgatagttc tgacctttcc tttgcaattc 360
5 agtgcagtag gatactgaaa ctgacattat ttgttaatgg ccagccaaga ccccttgaat 420
caagtcaggt gaaatatctc cgtcgagaac tgatagaact tcgaaataaa gtgaatcggt 480
tattggatag cttggaacca cctggagaac caggaccttc caccaatatt cctgaaaatg 540
atactgtgga tggtagggaa gaaaagtctg cttctgattc ttctggaaaa cagtctactc 600
aggttatggc agcaagtatg tctgcttttg atccttttaa aaaccaagat gaaatcaata 660
10 aaaaatgttat gtcagcgttt ggcttaacag atgatcaggt tttagggcca cccagtgtc 720
ctgcagaaga tcgttcagga acaccogaca gcattgcttc ctctctctca gcagctcacc 780
caccaggcgt tcagccacag cagccaccat atacaggagc tcagactcaa gcaggtcaga 840
ttgaaggcca gatgtacca cagtaccagc aacaggccgg ctatggtgca cagcagccgc 900
aggtcccacc tcagcagcct caacagtatg gtattcagta ttcagcaagc tatagtcagc 960
15 agactggacc tcaacaacct cagcagttcc agggatatgg ccagcaacca acttcccagg 1020
caccagctcc tgctttttct ggtagcctc aacaactgcc tgctcagccg ccacagcagt 1080
accaggcgag caattatcct gcacaaactt aactgccc aacttctcag cctactaatt 1140
atactgtggc tcctgcctct caacctggaa tggctccaag ccaacctggg gcctatcaac 1200
caagaccagg ttttacttca cttectggaa gtaccatgac cctcctcca agtgggccta 1260
20 atccttatgc gogtaaccgt cctccctttg gtcagggcta taccacacct ggacctgg 1320
atcgataagg aggtcctct acaccaatta atgtagctgc tagctattgg cctcccaaaa 1380
gactccagta ctattttaat ttgtattgaa gaagttcaga aatttaaaag cagagcattt 1440
tttatgatat cattgttggg gttaattgaa agtataattt gctggaacac aaagaccaaa 1500
atgaaagttt tttcctccct gcttaaaaat gtagcagctt cttagtactt ttggaacact 1560
25 actcttacat gtataaagtg attgacttga ctttctagct tccctgtgcc ggaggatatt 1620
aaaatgcttg ggtgaggttt agccatctta cttggctttt tactattaac atgatgtact 1680
aaagtagagc cctttgagaa tacaagatat tatgtataaa atgtaacact gatgataggt 1740
taataaagat gattgaatcc aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaca 1790

```

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 147:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 35 (A) LÄNGE: 2357 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

40 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 50 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 147

```

ctcgagccga atcggtctga gcgcagacct gcagcgggca aagagctccc gaggaagcac 60
55 agcttgggtc aggttcttgc ctttcttaat gtagagaca gctaccgga ggaggggaac 120
aaggagttct cttccgcagc ccttttcccc acgcccaccc ccagtctcca gggacccttg 180
cctgcctcct aggtctggaag ccatggtccc gaagtgtagg gcaagggtgc ctcaggacct 240

```

```

5   tttgggtcttc agcctccctc agcccccagg atctgggtta ggtggccgct cctccctgct 300
    cctcatggga agatgtctca gagccttcca tgacctcccc tccccagccc aatgccaagt 360
    ggacttggag ctgcacaaag tcagcaggga ccaactaaatc tccaagacct ggtgtgcgga 420
    ggcaggagca tgtatgtctg caggtgtctg acacgcaagt gtgtgagtgt gagtgtgaga 480
10  gatggggcgg ggggtgtgtct gtaggtgtct ctgggcctgt gtgtgggtgg ggttatgtga 540
    gggatatgaag agctgtcttc ccctgagagt ttcttcagaa cccacagtga gaggggaggg 600
    ctctgagtag aggaagccca ccaatctgcc ctttgcaagt tgcagggtgg aaggtaagag 720
    gttggtgtgg agttggggct gccatagggt ctgcagcctg ctggggctaa gcggtggagg 780
15  aaggctctgt cactccaggc atatgtttcc ccatctctgt ctggggctac agaatagggt 840
    ggcagaagtg tcacctgtgt ggtgtctccc tcgggggctc tccccctaga cctccccctc 900
    acttacataa agctcccttg aagcaagaaa gaggggtcca gggctgcaaa actggaagca 960
    cagcctcggg agctgggagg gaaagacggt tctatatcca gtctctgctc tctgtctagg 1020
    ggtggctgtg acaacctggg cctcacttga ttcatctctg gttttcttgc caccctctgg 1080
20  gagtccccat cccattttca tcctgagccc aaccaggccc tgccattggc ctctgtcccc 1140
    ttggcacact tgtaccaca ggtgaggggc aggacctgaa ggtattggcc tgttcaacaa 1200
    tcagtcatca tgggtgtttt tgtcaactgc ttgttaattg atttgggat gtttccccg 1260
    aatgagaggt tgaggaaaag actgtgggtg gggaggccct gcctgaccca tcccttttcc 1320
    tttctggccc cagcctaggt ggaggcaagt ggaatatctt atattgggag atttggggg 1380
25  tcggggaggc agagaatctc ttgggagtc ttgggtggcg tgggtgcattc tgtttctct 1440
    tgatctcaaa gcacaatgtg gatttgggga ccaaaggta gggacacatc cccttagagg 1500
    acctgagttt gggagagtgg tgagtggaag ggaggagcag caagaagcag cctgttttca 1560
    ctgagcttaa ttctcttcc cagataaggc aagccagtca tggaatcttg ctgcaggccc 1620
    tccctctact ctctctgtcc taaaaatagg ggccgttttc ttacacaccc ccagagagag 1680
30  gagggactgt cacactggtg ctgagtgacc gggggctgct gggcgtctgt tctttacca 1740
    aacctccat ccctagaaga gcacagagcc ctgaggggct gggctgggct gggctgagcc 1800
    cctggtcttc tctacagttc acagaggtct ttcagctcat ttaatccag gaaagaggca 1860
    tcaaagctag aatgtgaata taacttttgt ggaccaatac taagaataac aagaagccca 1920
    gtggtgagga aagtgcgttc tcccagcact gcctctgtt ttctccctct catgtccctc 1980
35  cagggaaaat gactttattg cttaatttct gcctttcccc cctcacacat gcacttttgg 2040
    gccttttttt atagctggaa aaaacaaaat accaccctac aaacctgtat ttaaaaagaa 2100
    acagaaatga ccacgtgaaa tttgcctctg tccaaacatt tcatccgtgt gtatgtgtat 2160
    gtgtgtgagt gtgtgaagcc gccagttcat ctttttatat ggggttgttg tctcattttg 2220
    gtctgttttg gtccctccc tcgtgggctt gtgctcgga ccaaagagaa aaacgttttg 2280
40  ggggcttcta atttatctg aaaaatttaa ctttgagcga aaaggggag tgttttaccg 2340
    tgggggggta aaataaa

```

2357

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 148:

40 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 907 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

55

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 148

5 gttcattgtc tggcaccacg ctctctgggg tgaattttct tccaaaagag tccggggagt 60
 ccaggctcctt ctctctgggt actcataacg cggcccccatt tctcactccc attgggcggtc120
 gggtttctag agaagccaat cagtgtcgcc gcagttccca ggttctaaag tcccacgcac180
 cccgcgggac tcatattttt cccagacgcg gaggttgggg tcatggcgcc ccgaagcctc240
 ctctgtctgc tctcaggggc cctggccctg accgatactt gggcgggtga gtgcgggggtc300
 cagagagaaa cggcctctgt .ggggaggagt gaggggcccg cccggtgggg gcgcaggact360
 10 cagggagccg cgcccggagg aggggtctggc ggggtctcagc ccctctcgc ccccagggtc420
 ccaactccttg aggtatttca gcaccgctgt gtcgcggccc ggccgcgggg agccccgcta480
 catcgccgtg gactacgtag acgacacgca attcctgcgg ttcgacagcg acgcgcgat540
 tccgaggatg gagccgcggg agccgtgggt ggagcaagag gggccgcagt attgggagt600
 gaccacaggg tacgccaagg ccaacgcaca gactgaccga gtggccctga ggaacctgct660
 15 ccgcccgtac aaccagagcg aggtcgggtga gtgaaccccg ccggggggcg aggtcacag720
 cacccccacat ccggcacggg accgcccggg tccttcagag ttccgggtgc gaaatgtacc780
 ccgagggagg ggaggcggtt gattgctgga gtggatactg ggggggtttt acgcagggttc840
 attttcagtt taggccaaaa tcccgcggg ttggggcggg atgggggggg gttaggtggg900
 cggggtt 907

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 149:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 25 (A) LÄNGE: 1987 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

40 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 149

45 aggagggcgtg gggggggggg cgggggagtc agggaagagc accatcgtca agcagatgaa 60
 gatcatccac gaggatggct actccgagga ggaatgccg cagtaccggg cggttgtcta 120
 cagcaacacc atccagtcca tcatggccat tgtcaaagcc atgggcaacc tgcagatcga 180
 ctttccgcac cctccagag cggacgacgc caggcagcta tttgactgt cctgcaccgc 240
 cgaggagcaa ggcgtgctcc ctgatgacct gtccggcgtc atccggaggc tctgggctga 300
 50 ccatgggtgtg caggcctgct ttggccgctc aagggaatac cagctcaacg actcagctgc 360
 ctactacctg aacgacctgg agcgtattgc acagagtac tacatcccca cacagcaaga 420
 tgtgctacgg accgcgtaaa agaccacggg gatcgtggag acacacttca ccttcaagga 480
 cctacacttc aagatgtttg atgtgggtgg tcagcggctc gagcgaaga agtggatcca 540
 ctgctttgag ggcgtcacag ccatcatctt ctgcgtagct tgagcgcta tgacttgggt 600
 55 ctagctgagg acgaggagat gaaccgcatg catgagagca tgaagctatt cgatagcatc 660
 tgcaacaaca agtggttcac agacacgtcc atcatcctt tcctcaacaa gaaggacctg 720
 tttgaggaga agatcacaca cagtcccctg accatctgct tccctgagta cacagggggc 780


```

aacaatatg atgaggcagc cagctacatc cagagtaagt ttgaggacct gaataagcgc 840
aaagacacca aggagatcta cacgcacttc acgtgcgcca ccgacacca gaacgtgcag 900
ttcgtgtttg acgccgtcac cgatgtcatc atcaagaaca acctgaagga ctgcggcctc 960
ttctgagggg cagcggggcc tggcgggatg ggccaccgcc gactttgtac cccccaaccc1020
5 ctgaggaaga tgggggcaag aagatcacgc tccccgcctg tcccccgcc gcttttctcc1080
tctttcctct ctttgttctc agctccccct gtcccctcag ctccagacgt aggggagggg1140
ttgccacagg cctccctgtt tgaagcctgc ccttgtctga gatgctggta atggccatgg1200
taccctcttc tgggcatctg ttctgttttt taaccattgt cttgttctgt gatgagggga1260
ggggggcaca tgetgagtct cccaaggctg cgtctggagg ggcccctgct tctccagcct1320
10 ggacccccag ctttgcccaa caccagcccc tgccccagcc caagtccaaa tgtttacagg1380
gagcctcctg cccagtcctc caaccccagc cgctcggagg ccccaaagga aaaagcaca1440
gaagcgtgag acgccaccat tcttgaaac cacagtccac ctgctcattc tcgtagcttt1500
ttaaaaaaat gaaagtaaaag gaaaaaaaaa aaactgcaa tctagaaaac tttttagaga1560
aaaactattt aaaactgtca gatcctgacc agcaagcgcc cccccagccc cccttccaag1620
15 tgactcctgt ccttgagtgt gtctgcgtgt ttacaccgt cctctgctg gccgcccccg1680
tgcgagcggc acccctgccc tgccctccac agaattgggt tccaagggtc gttccagaca1740
actgccaacg tcaactgagg ccctgcccc gcgccctgg ccccaggctc tattaacct1800
aaatgtagct ccctagcgt aacctagaa ccgccgctgc ctgctggggg gccacgcccc1860
tcatgccctt gtcccaggcc cggggccttc agcgttgaac acttccttgc ttttttcaca1920
20 tgtttttagg aattgttcac ctggtttgaa ataataaaat gtagaaagga aaaaaaaaaa1980
aaaaaaa
1987

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 151:

25 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2906 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 151

```

gtccagaagc aaaaattaag ttccccagt tttccatgcc caagatcgcc atcccagggtg 60
tgaaaatggg ggggtggggga gccgaggtcc atgccagct accctctctt gaaggagact 120
tgagaggacc agatgttaaag ctcaagggc ccgatgttct tctaaagggg ccaggagtag 180
50 acttgccctc agtgaacctc tctatgcaa aagtctcttg gctgacctt gatctgaact 240
tgaaaggacc aagtttgaag ggagacctgg atgcattctt tcccagcatg aagggtgatg 300
ctccagggtc caacctcagt ggtgtcgggt gcaaaatgca ggtgggagga gacgggtgta 360
aagtgcagg gatcgtgcc acaacaaagc ttaacgttgg ggacccagat gtgacactga 420
ggggaccaag cctgcaggga gatctggctg tctctggtga catcaaagtc cctaaagtat 480
55 ccgtaggagc tctgatcta agcttgagg catccgaagg cagcattaaa cttcccaaaa 540
tgaagctgcc ccaatttggc atctctactc cgggttccga cttgcacgtc aatgccaagg 600
ggccacaggt ttctggcgaa ctgaaggggc caggtgtgga tgtgaacctg aaagggcctc 660

```

ggatttcagc accgaatgtg gactttaact tgggaaggacc aaaagtgaag gggagccttg 720
 gggccactgg tgagatcaaa ggcccactg tgggaggagg tcttccaggc attggtgttc 780
 aaggcctaga aggaaacctc cagatgcctg gaattaagtc ctctggatgt gatgtgaacc 840
 5 tggcaggcgt gaatgtgaaa ctcccaactg ggcagatttc tgggcctgaa atcaaaagtg 900
 gtctgaaagg ttcagaagta gggttccatg gggctgctcc tgatatcagt gtgaaggggc 960
 ctgcctttaa tatggcatct cctgagtcag attttggcat caacttgaag ggcccaaaaa1020
 tcaaaaggagg tgcggatgtt tcagggggtg tcagtgtccc agacatcagc cttggtgaag1080
 ggcatttgag tgttaaagggt tccgggggtg agtggaaagg accccaagtc tcctctgctc1140
 tcaacttgga cacatctaag tttgctgggg gccttcattt ctcaggacca aaggtggaag1200
 10 gaggtgtgaa aggaggtcag attggactcc aggtcctggt gctgagtggt tctgggcctc1260
 aaggctcatt ggaaagtga tctggaaaag taacattccc taaaatgaag atcccaaat1320
 ttaccttctc tggcctgag ctggttgga gagaaatggg ggtggatgtt cacttcccta1380
 aagcagaggc cagcatccaa gctggtgctg gagacggcga gtgggaagag tctgaagtc1440
 aactgaaaa gtccaagatc aaaatgccc agtttaattt ttccaaacct aaagggaag1500
 15 gtggtgtcac tggctacca gaagcatcaa tttctgggtc caaagggtgac ctgaaaagt1560
 caaaggccag cctgggctct ctggaaggag aggcagaggc cgaagcctct tcaccgaaag1620
 gcaaattctc cttattttaa agtaagaagc cacggcaccg ctcaaattca ttcagtgtat1680
 aaagagagtt ctctggacct tccaccccca cggggacgct ggagtttgaa ggtggggaag1740
 tgtctctgga aggtgggaaa gttaaaggga aacacgggaa gctgaaattc ggtacctt1800
 20 gtggattggg gtcaaaagac aaagggtcatt atgaggtgac tgggagcag gatgagacag1860
 gcaagttaca ggggagtggt gtgtccctgg cctctaagaa gtcccactg tctcctct1920
 ctagcaatga cagtgggaat aaggttgga tccagcttcc cgaggtggag ctgtcagtt1980
 ccacaaagaa agagtagcag gcctttgtag aacaaaacat cagccttggg tgggtgtgtc2040
 ctatataaac tccaaaggga aacacaccga ctgcctcagc aatcatgcaa agaccttgc2100
 25 tggcccggtg gcaagcgctg aaaaaccgac cgctgttagg ctcttggaac tatacagata2160
 ggtaaaagat tccaagttcg tccagcccat gtgcaaagtc aacagtattt gccttaagat2220
 ttcatatata tatatttttt tgcattgact gctgagagct cctgtttact aagcaagctt2280
 ttgtgtttat tatcctcatt tttactgaac attgttagtt ttggggtaag ggaaaccac2340
 tttttcattg taatgacttt gggggctttt gttagtaagg gtgggtgggg tgatgggtt2400
 30 cagacggagg tcaggtcttc ctctttcctg agactggatc tgttcaaaca gcaaacgccc2460
 acagatggcc cagaggtggt ggtagtcagg gtgtgtgggt gtttttaggg ttctttagtg2520
 ttgtttcttt caccagggg tgggtgtccc agccagttt gtgctgacgg tgagaggaaa2580
 ttagaatctg ttgcaaatt gtccaacca cccctcaac atgaggggct tccattttct2640
 gtgttttgta agggaactgt ttcttcatg ccgcatgtt cctgatatta gttctgattt2700
 35 ctttttaaca aatgttatca tgattaagaa aatttccagc actttaatgg ccaattaaact2760
 gagaatgtaa gaaaattgat gctgtacaag gcaaataaag ctgtttatta accttgaaaa2820
 aaaaaaaaaa aaggaggagg ggggggggag gggggagggg gggggggggg aggggggggg2880
 agggaggagg aaggggggcg gggagg 2906

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 153:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2367 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

45 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

55 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 153

5
gcctcccgcc cgcgcgctct gtctccctct ctccacaaac tgcccaggag tgagtagctg 60
ctttcggtcc gccggacaca cgggacagat agacgtgctg acggcccacc accccagccc 120
gccaaactagt cagcctgcgc ctggcgctc cctctccag gtccatccgc catgtggccc 180
ctgtggcgcc tcgtgtctct gctggccctg agccaggccc tgccctttga gcagagaggc 240
10 ttctgggact tcacctgga cgatgggcca ttcatgatga acgatgagga agcttcgggc 300
gctgacacct cgggcgtcct ggaccgggac tctgtcacac ccacctacag cgccatgtgt 360
cctttcggtc gccactgcca cctgcgggtg gttcagtgtt ccgacctggg tctgaagtct 420
gtgcccagaag agatctcccc tgacaccacg ctgctggacc tgacagaaca cgacatctcc 480
gagctccgca aggatgactt caagggtctc cagcacctct acgcccctgt cctggtgaac 540
15 aacaagatct ccaagatcca tgagaaggcc ttcagcccac tgcggaagct gcagaagctc 600
tacatctcca agaaccacct ggtggagatc ccgcccaccc taccagctc cctggtggag 660
ctccgcatcc acgacaaccg catccgcaag gtgcccagg gagtggtcag tgggctccgg 720
aacatgaact gcatcgagat gggcgggaac ccactggaga acagtggctt tgaacctgga 780
gccttcgatg gcctgaagct caactacctg cgcattctcag aggccaagct gactggcatc 840
20 cccaaagacc tccctgagac cctgaatgaa ctccacctag accacaaca aatccaggcc 900
atcgaaactg aggacctgct tcgtactctc aagctgtaca ggctgggcct aggccacaac 960
cagatcagga tgatcgagaa cgggagcctg agcttcctgc ccacctccg ggagctccac1020
ttggacaaca acaagttggc caggggtgccc tcagggctcc cagacctcaa gctcctccag1080
gtggtctatc tgcactccaa caacatcacc aaagtgggtg tcaacgactt ctgtcccatg1140
25 ggcttcgggg tgaagcgggc ctactacaac ggcatcagcc tcttcaaca ccccggtccc1200
tactgggagg tgacgcccgc cactttccgc tgcgtcactg accgctggc catccagttt1260
ggcaactaca aaaagtagag gcagctgcag ccaccgcggg gcctcagtgg ggtctctgg1320
ggaacacagc cagacatcct gatggggagg cagagccagg aagctaagcc agggcccagc1380
tgctccaac ccagccccc acctcgggtc cctgacccca gctcgatgcc ccatcaccgc1440
30 ctctccctgg ctcccaggg tgcaggtggg cgcaaggccc ggcccccatc acatgttccc1500
ttggcctcag agctgcccc ctctctccac cagagccacc cagaggcacc ccatgaagct1560
tttttctcgt tcaactccaa acccaagtgt ccaaggctcc agtcctagga gaacagtcct1620
tgggtcagca gccaggaggc ggtccataag aatggggaca gtgggctctg ccagggtctg1680
cgcacctgtc cagacacaca tgttctgttc ctctctctca tgcatttcca gcctttcaac1740
35 cctccccgac tctgcggctc cctcagccc ccttgcaagt tcatggcctg tccctccaag1800
acccctgctc cactggccct tcgaccagtc ctcccttctg ttctctcttt ccccgctctt1860
cctctctctc tctgtgtgtg tgtcgtgtgt gtgtgtgtgt gtgtgtgtgt gtcttgtgt1920
tcctcagacc tttctcgttt ctgagcttgg tggcctgttc cctccatctc tccgaacctg1980
gcttcgcctg tccctttcac tccacaccct ctggccttct gccttgagct gggactgctt2040
40 totgtctgtc cggcctgcac ccagcccctg ccacacaaac cccagggaca gcggtctccc2100
cagcctgccc tgcctcaggcc ttgcccccaa acctgtactg tcccggagga ggttgggagg2160
tggaggccca gcatcccgcg cagatgacac catcaaccgc cagagtccca gacaccggtt2220
ttcttagaag cccctcacc ccactggccc actggtggct aggtctcccc ttatccttct2280
ggtccagcgc aaggaggggc tgcttctgag gtcggtggct gtctttccat taaagaaaca2340
45 ccgtgcaacg tgaaaaaaa aaaaaaa 2367

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 154:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
50 (A) LÄNGE: 1314 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear
- 55 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 154

cacacacctg cacatactca tgcattgaca tgtacacacg cagtcacaca tgcactcacg 60
cagttgcaca cacacgcatg ctcaactcca cactgtgtgc actcaggtgg ctgtgttggg 120
cagttggggc cagggctccc ctgctgtcct gtggggcggg catctgctct ccttctttct 180
15 cccaggtac ttctactccc gaaggattga catcaccctg tcgtcagtca agtgcttcca 240
caagctggcc tctgcctatg gggccaggca gctgcagggc tactgcgcaa gcctctttgc 300
cctcctctc ccccaggacc cctcgttcca gatgccctg gacctgtatg cctatgcagt 360
ggccacaggg gacgccctgc tggagaagct ctgcctacag ttctggcct ggaacttcca 420
ggccttgacg caggccgagg cctggcccag tgtcccaca gacctgtctc aactgctgct 480
20 gcccaggagc gacctggcgg tggccagcga gctggcccta ctgaaggccg tggacacctg 540
gagctggggg gagcgtgcct cccatgagga ggtggagggc ttggtggaga agatccgctt 600
ccccatgatg ctccctgagg agctctttga gctgcagttc aacctgtccc tgtactggag 660
ccacgaggcc ctgttccaga agaagactct gcaggccctg gaattccaca ctgtgccctt 720
ccagttgctg gcccgttaca aaggcctgaa cctcaccgag gatacctaca agccccggat 780
25 ttacacctcg cccacctgga gtgcctttgt gacagacagt tcctggagtg cacggaagtc 840
acaactggtc tatcagtcca gacggggggc ttggtcaaaa tattcttctg attacttcca 900
agccccctct gactacagat actaccctta ccagtccttc cagactccac aacaccccag 960
cttctcttc caggacaaga ggggtgctctg gtccctggtc tacctcccca ccatccagag 1020
ctgctggaac tacggcttct cctgctctc ggacgagctc cctgtcctgg gcctcaccaal 1080
30 gtctggcggc tcagatcgca ccattgccta cgaaaacaaa gccctgatgc tctgcgaagg 1140
gctcttcgtg gcagacgtca ccgatttcca gggctggaag gctgcgattc ccagtgcctt 1200
ggacaccaac agctcgaaga gaacctctc ctccctctgc cccggcagag cttttcaaac 1260
gggctttccg caacgggtca atccgcgcct ttctaacttg acaaacttct tcag 1314

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 155:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 965 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

40 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

55 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 155

```

5  cctcccaaag gaactcccca atactagaac tcattccaaa ccccttgcaac ttcaacaaat 60
   taacgaaccc attccccaac ccacaatacc ccaccctoca acaacctaaa acaacgactt120
   catgctcccg tgcccaaaac gcacagacct tcaacctgga cggctccctg atctatgaaa180
   gactcccatc gtcttgcaag cggctctcac cagcgtgcgg cagaaaatcg agaaggagga240
   tgacagtga ggcgaggaga gtgaggagga ggaagagggc gaggaggaag gctccgaatc300
   cgaatctcgg tccgtcaaag tgaagatcaa gcttgccggc aaggagaagg cacaggaccg360
10  gctgaagggc ggccggcggc ggccgagccg agggctccga gccaaagccg tcgtgagtga420
   cgatgacagt gaggaggaac aagaggagga ccgctcagga agtggcagcg aagaagactg480
   agccccgaca ttccagtctc gaccccgagc ccctcgttcc agagctgaga tggcataggc540
   cttagcagta acgggtagca gcagatgtag tttcagactt ggagtaaaac tgtataaaca600
   aaagaatctt ccatatttat acagcagaga agctgtagga ctgtttgtga ctggccctgt660
15  cctggcatca gtagcatctg taacagcatt aactgtctta aagagagaga gagagaattc720
   cgaattgggg aacacacgat acctgttttt cttttccggt gctggcagta ctgttgccgc780
   gcagtttgga gtcactgtag ttaagtgtgg atgcatgtgc gtcaccgtcc actcctccta840
   ctgtatttta ttggacaggt cagactcgcc gggggcccg caggggtatg tcagtgtcac900
   tggatgtcaa acagtaataa attaaaccaa caacaaaacg caaaaaaaaa aaaccaaggg960
20  cgaga
                                     965

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 156:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 25 (A) LÄNGE: 3101 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 35 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

40

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 156

```

45  ctgcgcggc acacaggag cagcgagcac gcgtttcccg caaccgata ccacgggaca 60
   ggattttctc gctcagccc aacggggagg gctagttgca catagtatt tagatgaaag 120
   agctattgaa gctttaaaag aattcaatga agacgggtgca ttggcagttc ttcaacagtt 180
   taaagacagt gatctctctc atgttcagaa caaaagtgcc tttttatgtg gagtcatgaa 240
50  gacttacagg cagagagaaa aacaaggagc caaagtagca gattctagta aaggaccaga 300
   tgaggcaaaa attaaaggac tcttggaagg aacaggctac acacttgatg tgaccactgg 360
   acagaggaag tatggaggac cacctccaga ttccgtttat tcaggtcagc agccttctgt 420
   tggcactgag atatttgtgg gaaagatccc aagagatcta tttgaggatg aacttggtcc 480
   attatttgag aaagctggac ctatatggga tcttcgtcta atgatggatc cactcactgg 540
55  tctcaataga ggttatgcgt ttgtcacttt ttgtacaaaa gaagcagctc aggaggctgt 600
   taaactgtat aataatcatg aaattcgttc tggaaaacat attggtgtct gcatctcagt 660
   tgccaacaat aggctttttg tgggctctat tctaagagt aaaaccaagg aacagattct 720

```

```

tgaagaattt agcaaagtaa cagagggctt tacagacgtc attttatacc accaaccgga 780
tgacaagaaa aaaaacagag gcttttgctt tcttgaatat gaagatcaca aaacagctgc 840
ccaggtaaaa gtgctgtttg tacgcaacct tgccaatact gtaacagaag agattttaga 900
aaaggcattt agtcagtttg ggaaactgga acgagtgaag aagttaaaag attatgcgtt 960
5 cattcatttt gatgagcgag atgggtgctg caaggctatg gaagaaatga atggcaaga1020
cttgaggga gaaaatattg aaattgtttt tgccaagcca ccagatcaga aaaggaaaga1080
aagaaaagct cagaggcaag cagcaaaaaa tcaaatgtat gacgattact actattatgg1140
tccacctcat atgccccctc caacaagagg tcgagggcgt ggaggtagag gtggttatgg1200
atatcctcca gattattatg gatatgaaga ttattatgat tattatggtt atgattacca1260
10 taactatcgt ggtggatag aagatccata ctatggttat gaagattttc aagttggagc1320
tagaggaaag ggtggttagag gagcaagggg tgctgctcca tccagaggtc gtggggctgc1380
tccctccccg ggtagagccg gttattcaca gagaggaggt cctggatcag caagaggcgt1440
tcgaggtgag agaggaggtg cccaacaaca aagaggccgc gggcagggaa aaggggtcga1500
ggccggtcct gacctgttac aatgaagact gacttgctat gtgggattac accagaagct1560
15 tgcagtgagg taatggtaag gaaatcaagc aaccttaaat atgtcggctg tataggagca1620
tattctattg cagaagacct tcctatgaag atcatggaat caaatacggg acattgaact1680
aatacttggc ctttgatatg aatttcttta acaattttct ctgcagtgc agttattaaa1740
ctaaagctac tctattttca aaatgtgttc caacagaaat ccttcataac tcctagcatg1800
gtactttaat aaagaataaa gttcttttaa aaatctgctc taagtagatt tttccctttt1860
20 tttaaattaa ggatcccaac agtggatatt tgaaatattc tcttgaattt gtgcatttaa1920
attttattgc agtggatatg atgaatgcca ctgatggtag ccttaaatat tatttctgct1980
caccaagggt aatcatgatt gtctatatct tttttatagt gatcactttt gaattgtgtt2040
cagatatgca gtttcagggtg taatcatcag agctgggttag tcaggcattc cagatagtgg2100
ttcttttcag aaccttttta aaaggggttg ttaactacct cagtagcaga ggattgaact2160
25 ataccctgtc tgtactgtac atagaaaatc tttgtagata aaagcaaggc ttggttaata2220
tgatatgagg gtaagatttt aatataccaa atgtaacatt cttagttgcc ttttagtttca2280
gaggcttgta agacttcctc atgaccatca taacaggcct tgcttttgct gtattttgtg2340
gctgaaaaag cagccttgct tcttcagata ttgtagttat ttggatgtat aatagtttag2400
caagatgtta cttttgtaag acatcagatg ttcaaaaaag tgcacccgaa cttgtactaa2460
30 atactgcagt gtccctttat aaaaagtcag actaaaactg acaattgtac agcgaagcct2520
gacatttgga tattttgaag ttttttcata aatcatagaa attagtatat ggctgtagtt2580
tagcttttta ggtaaaaggt atgtttcatt agtgcatttc ttctgtgta tcaactgtaaa2640
catgtgaatc agctttccat ttcttatgca ggcctatgata acttgtagag tagagtacaa2700
tcattttgtc tatgttttta attttctaaa gcaccttgat gacagtgaat gtccagtggt2760
35 gaagcatcct ctattgaacc accctcaaaa atttttttgc caagtcctaa gttgatagct2820
taaagtaaaa agtgaaaatt atagtttcat taggacttgg tgtaaagaaa tccccctccc2880
ccttccccc aaggatactg cagttatatc acatacccaa taggcaccac gatgaagatc2940
agagcttata cttaattaag gttttatata caccagttcc ccagtaaatg caaatttaac3000
aagaaaatca gacatgtcat atgttcaaaa tgctcatggc aaacaatcat tttgcattcc3060
40 tgcaataaaa attgttttat actgtaaaac aaaaaaaaaa a
3101

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 157:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 45 (A) LÄNGE: 983 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 157

cgggcgggag cggcgggtcca gactggggag ggacgcgcac cggccaggag gcttcaagag 60
 gagggcacta gggccctgcg agcggcggtc taaccggcgg cgctaggact ccgcgggaaa120
 10 cggcgggggc ggacgggagg caccaggacc caggggaacc gcgacgggag ggcggcgagc180
 agggccggga gccgggaggt gcgggcggcg gcgctggacc cgacgcggcg agagaggccc240
 cgagatgccg agcaagaaga agaagtacaa cgcgcgggtt ccgcggcgcg ggatcaagaa300
 gatcatgcag acggacgaag agattgggaa ggtggcggcg gcggtgcctg tcatcatctc360
 ccgggcgctc gagctcttcc tagagtgcgt gttgaagaag gcctgccagg tgaccagtc420
 15 gcggaacgga aagaccatga ccacatccca cctgaagcag tgcatcgagc tggagcagca480
 gtttgacttc ttgaaggacc tgggtggcatc tgttcccgac atgcaggggg acggggaaga540
 caaccacatg gatggggaca agggcgccc cagggccgga agccaggcag cggcggccgg600
 aagaacggtg ggatgggaac gaaaagcaag gacaagaagc tgtccgggac agactcggag660
 caggaggatg aatctgagga cacagatact gatggggaaag aggagacatc acaaccccca720
 20 cccaggcca gccaccctc tgcccactt cagagccccc cgacaccctt cctgcccttc780
 gcctctactc tgctttggc ccagcgccc ccgggcccct cagcacctga tgaagaggac840
 gaagaagatt acgactccta gcgccttctg cccccagac catagccctt ttagttggt900
 ttagttgct ctggggggag gagagaaggt agagctgttc ttaaatttat taaaaaaaa960
 aataaaaggg aaaaaaaaaaaa aaa 983

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 158:

(A) LÄNGE: 293 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 30 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 158:

FIDSYRCFQP KQEGAFTCWS AVTGARHLNY GSRLDYTLGD RTLVIDTFQA SFLLEPEVMGS 60
 45 DHCPVGAVLS VSSVPAKQCP PLCTRFLPEF AGTQLKILRF LVPLEQSPVL EQSTLQHNNQ120
 TRVQTCQNKA QVRSTRPQPS QVGSSRGQKN LKSYFQPSPS CPQASPDIEL PSLPLMSALM180
 TPKTPEEKAV AKVVKGQAKT SEAKDEKELR TSFWKSVLAG PLRTPLCGGH REPCVMRTVK240
 KPGPNLGRRF YMCARPRGPP TDPSSRCNSS SGAGPAEPME AWGHLAWSPL HMI 293

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 159:

(A) LÄNGE: 131 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 55 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 159:

ETLREKQEAA QGRGAGLRSC AGVTMPDVPR PPLVQLGLLQ RKNCTGRRGQ WEDPGAWHTC 60
RSGGPSWVLA SSQYASHMAP CGPHRGVCAR APPAQTSRMR SVTPSHLWLL KSWPAPSPLW120
15 PLPSLLESSG S 131

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 160:

(A) LÄNGE: 94 Aminosäuren

20

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 160:

35 KRRPKLGPGF FTVRITHGSL WPPQRGVRKG PASTDFQNEV RNSFSSLASE VLACPFETTLA60
TAFSSGVFGV MRALISGRIG SSMSGEAWGQ LGEG 94

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 161:

40

(A) LÄNGE: 136 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 161:

5 LHQLAAQRLY LRPVRVGAWA LSLPGERRAE ISNQWSALVT WIPEGREGST VSSAADCCSK 60
NVFSTSFESP SHGNPSTPTR DPTPAVSRI STCTSRDPND SCTNEHYGSC SNCLSTHCY120
GWKAFGRKKG SSRLKG 136

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 162:

10 (A) LÄNGE: 281 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 162:

25 PGSQKVAKAV PFPQRRTA AV RMSFPPHLNR PPMGIPALPP GIPPPQFPGE PPPVPPGTPM 60
IPVPM SIMAP APTVLVPTVS MVGKHLGARK DHPGLKAKEN DENCPTTTV FVGNISEKAS120
DMLIRQLLAK CGLVL SWKRV QGASGKLQAF GFCEYKEPES TLRALRLLHD LQIGEKLLV180
KVDAKTKAQL DEWKAKKKAS NGNARPETVT NDDEEALDEE TKRRDQMIKG AIEVLIREYS240
30 SELNAPSQES DSHPQEEEEG KEGGHFPQIS SGPTDPLSTH H 281

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 163:

35 (A) LÄNGE: 103 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 163:

50 CSLVQESLGS LEVQVEEILE TAGVGSLVGV LGFPWEGDSN EVEKTFLLOQ SAAEETVLPS 60
RPSGIQV TSA LHWFEISARR SPGRLSAQAP TRTGRKYSRC AAS 103

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 164:

(A) LÄNGE: 127 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 1:

NISLLDHPGL QSCLYFLFWI LFTNRERYIS AWKWPDVWKL DIWHFGLHSH GYYSHNKDGS 60
GNSFLDLDP SRYLGIYYIL FCIFLVLWRD SLAIFGLPEY VFCVYSAPVK WECLVCHNPH120
GCYMSIS 127

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 165:

(A) LÄNGE: 382 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
25 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 :
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 165:

40 HEVLCCRMALP LQKAKVIRLI KISPEKPITL AVGDGANDVS MIQEAHVGIG IMGKEGRQAA 60
RNSDYAIARF KFLSKLLFVH GHFYIIRIAT LVQYFFYKNV CFITPQFLYQ FYCLFSQQTL120
YDSVYLTLN ICFTSLPILI YSLLEQHVDP HVLQNKPTLY RDISKNRLLS IKTFLYWTIL180
GFSHAFFIFF GSYLLIGKDT SLLGNGQMFG NWTFGTLVFT VMVITVTIKM ALETHFWTWI240
NHLVTWGSII FYFVFSLFYG GILWPFLGSQ NMYFVFIQLL SSGSAWFAII LMVVTCLFLD300
I IKKVFDRLH HPTSTKAQM YSNTVALSDE FIALQPLSRA RNQLSKLSLL QMQVSSAWT360
45 PCAVSRKEKQ RVHLLLECWN EL 382

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 166:

(A) LÄNGE: 85 Aminosäuren
50 (B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 166:

QELNKHKIHI LGAQKWPNP SIKQGKYKIK YNRSPGNEMV DPSPKMSFQS HLYCDCNNHD60
CEDQSAKCPV SKHLAISKQR CIFPY 85

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 167:

15 (A) LÄNGE: 496 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 167:

35 RLEKGPLPFQ MPGMRLPETQ VLPGEIDETP LSKPGHDLAS MEDKTEKWSS QPEGPLKLKA 60
SSTDMPQSIS VVNVDQLWED SVLTVKFPKL MVPRFSFPAP SSEDVFIPT VREVQCPEAN120
IDTALCKESP GLWGASILKA GAGVPGEQPV DLNLPLEAPP ISKVRVHIQ AOVESQEVTI180
HSIVTPEFVD LSVPRFTSTQ IVRESEIPTS EIQTPSYGFS LLKVKIPEPH TQARVYTTMT240
QHSRTQEGTE EAPIQATPGV DSISGDLQPD TGEFFEMISS SVNVLGQOTL TFEVPSGHL300
ADSCSDEEPA EILEFPDDDS QEATTPLADE GRAPKDKPES KKSGLLFWFL PNIGFSSSVD360
ETGVDSKNDV QRSAPIQTQP EARPEAELPK KQEKAGWFRF PKLGFSSSPT KKSSTEDGA420
ELEEQLQEE TITFFDARES FSPEEKEEGE LIGPVG TGLD SRVMVTSAAAR TELILPEQDR480
40 KADDESKGSG LGPNEG 496

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 168:

45 (A) LÄNGE: 125 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 168:

5

SLPASYMYWDS KSHSLKFLLA TSLQTAVQMR SQQKFLSFPL MIAKRQPHHW QMKAGLQKTN 60
QKVKNLVCSG FGFQTLGFPL LLMRQVLIPK MTSRDLLPFK HSLRHDQRQN CLKNRRRQAG120
SDFPN 125

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 169:

(A) LÄNGE: 130 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 169:

MGADLWTSFL ESTPVSTEE ENPMFGSQNQ SRPDFLLSGL SFGALPSSAS GVVASWLSSG 60
GNSRISAGSS SEQLSASWWP EGTSNVSVCC PSTLTLEEII SNGSPVSGWR SPEMESTPGV120
ACMGASSVPS 130

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 170:

(A) LÄNGE: 123 Aminosäuren

35

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

45

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 170:

50

VVYRGVKCFI DKKKKTALAP TYSSSSSSSS SSSSSSSSSS SSSSSSSSSS SSFFFLLFSA 60
LTTFFFAASG FPLARYAAIS FSYSFSTSQP SFHKAACHLQ QCYSTSLPVS SQHHQWTGQD120
VLL 123

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 171:

- 5 (A) LÄNGE: 157 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 171:

KKLYLLRSIQ NVNKTAAIFF LQLQSGIQLT EQQLSSYKLH QRQLKMKKIK PKKKTKRKKK 60
KKQKTKLPSP YITNLCCAPT RTCFKFPCQF TTPILYQARL VAIENTTRTG LSKDTFGSVL120
20 TIQKKTLYSL KTNLTQPYIS IFFFFRSELC TGGLNAL 157

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 172:

- 25 (A) LÄNGE: 152 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 172:

40 LNMKGKDPKK PRGKMSSYAF FVQTCREEHK KKHPDASVNF SEFSKKCSER WKTMSAKEKG 60
KFEDMAKADK ARYEREMKTY IPPKGETKKK FKDPNAPKRP PSAFFLFCSE YRPKIKGEHP120
GLSIGDVAKK LGEMWNNTAA DDKQPYEKKA AK 152

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 173:

- 45 (A) LÄNGE: 281 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 173:

10 SGSAGPGPRG PRATESGKRM DCPALPPGWK KEEVIRKSGL SAGKSDVYYF SPSGKKFRSK 60
PQLARYLGNT VDLSSFDERT GKMMPSKLQK NKQRLRNDPL NQNKGKPDNL TTLPIRQTAS120
IFKQPVTKVT NHPSNKVKSD PQRMNEQPRQ LFEWKRLQGL SASDVTEQII KTMELPKGLQ180
GVGPGSNDDET LLSAVASALH TSSAPITGQV SAAVEKNPAV WLNTSQPLCK AFIVTDEDIR240
KQEERVQQVR KKLEEALMAD ILSRAADTEE MDIEMDSGDE A 281

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 174:

(A) LÄNGE: 102 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 174:

IIDIIYIKNTS KKALVSAIKK LYVLGYIFFL TGKSQWKHFC SISRNELLGK VGRKLPDHIL 60
35 RLHLHCPFQY PSLLYQQLAT RCLPSVLLPI SCVLAVLALP VS 102

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 175:

(A) LÄNGE: 147 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

40 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 175:

IYTSKIHLKR HWLVLLKSSM CSGTFFFLQA KASGNIFVQF LGIFSWGKSV ESYLIIFLGF 60

ISTVHFNIHL FCISSSRQDV CHQCFQFLA YLLYSLFLFP DVFICDNKSF AEGLRCVKPN120
SRVLFHSSGD LPCDWRRACV QSTGNSR 147

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 176:

- (A) LÄNGE: 85 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
10 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja
15

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:
20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 176:

ECPLGARGPW EPRHFFPLGR GARSRHPC TH GRLAPPQSPP HSQQPFHSHC PSRSPQPSLR60
25 PHPHPLRAQG CNPSLSTTHR WYSWG 85

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 177:

- (A) LÄNGE: 128 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
30 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja
35

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 :
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 177:

NALWGPGAPG SPATLSHLAG VPAAATPARM AGWHPPRALP TASSLSTVTA LPAVPSLPYG 60
45 LTRTPSEPR A TPHYPPRTD GTAGAEQPHV EPERVPGARG QDAGGRMTAC PCLTSWGTTL120
DRGIGQDP 128

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 178:

- 50 (A) LÄNGE: 106 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 178:

MPFGGQGPLG APPPFPTWPG CPQPPPLHAW QAGTPPEPSP QPAAFPQSLP FPQSPAFPTA 60
SPAPPQSPGL QPLIIHHAQM VQLGLNNHMW NQRGSQAPED KTQEAE 106

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 179:

(A) LÄNGE: 77 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

20

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 179:

GNPELPWRKF QCQHSCSLWP SPTLWPEIPQ SNLEPKRTQR TLDPNCPRPS PEVGVTNSSG60
LRHMKKLYIN PRQATNP 77

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 180:

40

(A) LÄNGE: 64 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 180:

PPTHTRQVGE EIQSCHGENS SVSILAPCGP LLHSGQRYHS QTWSQKGHKG LSTQTAPDPL60
QRLG 64

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 181:

(A) LÄNGE: 206 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 181:

RLSCAGTILSG SGPHPSSRRLT QGRWVRKSRV AMEKIPVSFAF LLLVALSYTL ARDTTVKPGA 60
KKDTKDSRPK LPQTLARGWG DQLIWTQTYE EALYKSKTSN KPLMIHHLD ECPHSQALKK120
VFAENKEIQK LAEQFVLLNL VYETTDKHL S PDGQYVPRIM FVDPSLTVRA DITGRYSNRL180
YAYEPADTAL LLDNMKKALK LLKTEL 206

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 182:

(A) LÄNGE: 206 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 182:

RVFQEEELVR RQRNGASGPR PGLRRLRGGR RAVRRKERLL HRQLPAVHKR GARVKLSSPE 60
RDVERDVFLY RAYLAQRKFG VVLDEIKPSS APELQAVRMF ADYLAHESRR DSIVAELDRE120
MSRSVDVTNT TELLMAASIY LHDQNPDAAL RALHQGDSLE CTAMTVQILL KLDRLDLARK180
ELKRMQDLDE DATLTQLKVL VSLQRV 206

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 183:

- (A) LÄNGE: 111 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 183:

LPRPRESEGO HRGRAGPRDE QERGRDQHHL PAHGRHLHLS RPEPGCRPAC AAPGGQPGVH 60
SHDSADPAEA GPPGPRPEGA EENAGPGRGC HPHPAQGLGK LATGVKAQGS F 111

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 184:

- (A) LÄNGE: 165 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 184:

GTILPIPEIR RILELLHPLQ AYQDLELGEG GILVQVLHSL QLLPGEVQAV QLQQDLHCHG 60
CALQAVPLVQ RTQGGIRVLV VEIDGGGHEQ EGGVGHVHAP AHLVQLGHD AVPPTLVGEV120
40 VSKHAHGLEL RGRGGLDLIQ DHTELPLRQV RSIQEDVPLH VSLWA 165

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 185:

- 45 (A) LÄNGE: 75 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 185:

LLSMRMILKP QSFMIIMMLR SSNRVTWKL LIGLDYIRYQ MENQKTSLLL MENSCTRLLL60
LKLLNPLINV GKHCL 75

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 186:

(A) LÄNGE: 340 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 186:

RTVIDAMSAL LRLRLTGAPA AACLRLGTSA GTGSRRAMAL YHTEERGQPC SQNYRLFFKN 60
VTGHIYISPFH DIPLKVNSKE ENGIPMKKAR NDEYENLFNM IVEIPRWTNA KMEIATKEPM120
NPIKQYVKDG KLRVYANIFP YKGYIWNRYGT LPQTWEDPHE KDKSTNCFGD NDPIDVCEIG180
SKILSCGEVI HVKILGILAL IDEGETDWKL IAINANDPEA SKFHDIDDVK KFKPGYLEAT240
LNWFRLYKVP DGKPENQFAF NGEFKNKAF LEVIKSTHQC WKALLMKKCN GGAINCTNVQ300
ISDSPFRCTQ EEARSLVESV SSSPNKESNE EEQVWHFLGK 340

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 187:

(A) LÄNGE: 131 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 187:

LSILYILFNG IHWLLGGNLH FSICPPRYFY NHIKQILIFI ISCFLHRNAI FLFRVHLQRN 60

IMKGGNVVTS YILKEEAVIL RAGLAALLSV VQGHSTARPG PCTGFPQAR SGWGTRAQQP120
 QQRAHGVNDG P 131

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 188:

5

- (A) LÄNGE: 436 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 188:

GRGMGRVQLF EISLSHGRVV YSPGEPLAGT VRVRLGAPLP FRAIRVTCIG SCGVS NKAND 60
 TAWVVEGYF NSSLSLADKG SLPAGEHSFP FQFLLPATAP TSFEGPFGKI VHQVRAAIHT120
 PRFSKDHKCS LVFYILSPLN LNSIPDIEQP NVASATKKFS YKLVKTGSVV LTASTDLRGY180
 25 VVGQALQLHA DVENQSGKDT SPVVASLLQK VSYKAKRWIH DVRTIAEVEG AGVKAWRRAQ240
 WHEQILVPAL PQSALPGCSL IHIDYYLQVS LKAPEATVTL PVFIGNIAVN HAPVSPRPGL300
 GLPPGAPPLV VPSAPPQEEA EAEAAAGGPH FLDPVFLSTK SHSQRQPLLA TLSSVPGAPE360
 PCPQDGS PAS HPLHPPLCIS TGATVPYFAE GSGGPVPTTS TLILPPEYSS WGYPEAPPS420
 30 YEQSCGGVEP SLTPES 436

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 189:

- (A) LÄNGE: 127 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- 35 (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 189:

SVLFTGVVSP GPSSLPPPPQ PQGEEGGCRG AGRGWAGPEW ARLGQERRHE ALGAPVPGQR 60
 50 PGLPGEGSTG SALRGQAGFH AAAALLIRRW GLIGVAPRTV LWRKNQGAGS GHWPPGALCK120
 VGDSGTC 127

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 190:

- (A) LÄNGE: 213 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 190:

LVLNVGMQLQ CLPHHIAAEI SAGCEDHAAR LHQLVGELLG GRGHVGLLNV WDAVQVQGAQ 60
 DIEHEAALVI LGKPWRVDGG PHLVHDLPER TLKGRGCSGR KQELEGEAVL SSGQAPLVCQ120
 RQGTVEVTLL HYPRCVISLV GDPAGTYAGH PDGSRQRCP QAHAHGPSQR LPGAVDDAAV180
 20 AQADLEELHS PHAAASPASR AATPPPAARE SRL 213

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 191:

- 25 (A) LÄNGE: 635 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

35

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 191:

40 GGVSPWRACV QQRMEESEPE RKRARTDEVP AGGSRSEAE EDDDYVPYV PLRQRROL L 60
 QKLLQRRRK G AEEEEQD SG SEPRGDEDDI PLGPQSNVSL LDQHQLKEK AEARKESAKE120
 KQLKEEEKIL ESVAEGRALM SVKEMAKGIT YDDPIKTSWT PPRYVLSMSE ERHERVRKKY180
 HILVEGDGIP PPIKSFEMK FPAILRGLK KKGIIHPTPI QIQGIPTILS GRDMIGIAFT240
 GSGKTLVFTL PVIMFCLEQE KRLPFSKREG PYGLIICPSR ELARQTHGIL EYYCRLLED300
 45 SSPLLRALC IGGMSVKEQM ETIRHGVHMM VATPGRMLDL LQKKMVS LDI CRYLALDEAD360
 RMIDMGFEGD IRTIFS YFKG QRQTLLFSAT MPKKIQNFAK SALVKPVTIN VGRAGAASLD420
 VIOVEYVKE EAKMVYLLEC LQKTPPPVLI FAEKKADVDA IHEYLLKGV EAVAIHGKD480
 QEERTKAIEA FREGKKDVLV ATDVASKGLD FPAIQHVINY DMPEEIENYV HRIGRTGRSG540
 NTGIATTFIN KACDES V LMD LKALLLEAKQ KVPPVLQVLH CGDESMLDIG GERGCAFCGG600
 50 LGHRITDCPK LEAMQTKQVS NIGRKDYLAH SSMDF 635

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 192

- (A) LÄNGE: 147 Aminosäuren

(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 192:

KPSRRCRPCC RCCIAGMSPC WTLEESAAPV SAGAWVIGSL TAPNSRLCRP SRSATSVART 60
TWPTAPWTSE PTVFPSLQEA SVPKTATSLH IQQPPGQNH FSSAGLEWAR LVLAACSLCS120
SELLFLFPFT PAAIKAQTSS PKKKKKK 147

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 193

(A) LÄNGE: 150 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
25 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 193:

40 DILLALPECL DGLSPFLLVF APMDGYGLNP LEQQVLVDGV HVCLLLCKDE YRRGCLLQAL 60
EQVHHGLLLL HIFYLLDDIQ AGSPSAPHID GHRLYKGTLS KVLNLLRHGG TEEQGLSLAL120
EVGEDGTDVT LEAHVDHAVS LVQQQVATDV 150

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 194

45 (A) LÄNGE: 310 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 194:

10 EAPAAARTQS PAAAAQRGDN VYVTEVLQT QKEVEVTRTH KREGSGRFSL PGATCLQEG 60
QGHLSQKKT V TIPSGSTLAF RVAQLVIDSD LDVLLFPDKK QRTFQPPATG HKRSTSEGAW120
PQLPSGLSMM RCLHNFLTDG VPAEGAFTED FQGLRAEVET ISKELELLDR ELCOLLLEGL180
EGVLRDQLAL RALEEALQEQ QSLGPVEPLD GPAGAVLECL VLSSGMLVPE LAIPVVYLLG240
ALTMLSETQH KLLAEALESQ TLLGPLELVG SLLEQSAPWQ ERRPCPCPPG SWGTAGAKEH300
15 RPGSCWTSVA 310

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 195

(A) LÄNGE: 244 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
20 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 195:

35 TTGIASSGTS IPEDNTRHSR TAPAGPSRGS TGPRLWPCSS ASSKARRASW SRSTPSRPSS 60
SSWHSSLKSKS SSSLEMVSTS ARRPWKSSVN APSAGTPSVR KLWRHLIMER PEGSCGQAPS120
LVERLWPVAG GWKVLCLFLSG KRRTSKSESI TSWATRNARV LPEGMVTVFF WLRWPWPSPC180
KHAVAPGRENR PEPSRLWVRV TSTSFVCVST SVTTYTLSPR CAAAAGLCVL AAAGASHGAE240
SARC 244

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 196

(A) LÄNGE: 229 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
45 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 196:

5

10

TGHMATGLLA FLGLAAGGQT LCPAGELPGH ARAQASGAPG SVLIAVPGRR RVHTCGPGPA 60
APSTRGECPP PALGHTRPAR PRPVLLRPSC SPGARGAGTW SALLPRGTLL QEAAHQLEP120
QQGLRLQRLR QQLVLRFTQH GQCPQQVDNR DSEFRHQHSG GQHQALQDST CWTVQGLHRP180
KALALLQRL L QGSQGLVPQ HPLQALQQQL AQLSVQKLQF LGDGLHLCP 229

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 197

(A) LÄNGE: 95 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

15

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 197:

30

TEILPVFVRL AGVPICSTGN ASAMLQPQKP GLSLQQQAEP CLWSGAVHSS VCLVLGLELD60
RGGVSSPSLN SEQTLCLAPV CPGNSPGPHW EPLVF 95

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 198

(A) LÄNGE: 101 Aminosäuren

35

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

45

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 198:

50

AVPRGSLRED GKVRCMSNLL MAGSPLCPLS LALVIAELCA QCCGLAVARL FLWGARAGCG 60
NQSSQTDVSQ AEDSFLAEVS PHLQVSGWGG ARRGRHTPCL T 101

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 199

- 5 (A) LÄNGE: 155 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 199:

20 VRHTSHLAVL TQGAPGHCSC AAWALLLRTP RAPNEGLGNC LGTLGPGTGS VLNSGKVKRP 60
HLYPAQAEQ GRQSCGQHPT TDTVLPAGV RGLVSEAAW HWHCLCYRWG LLRVSQIQGE120
EQFTQPKGPV CRAALTRAQQ HSTELGKGRG ERVKD 155

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 200

- 25 (A) LÄNGE: 138 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:

: (A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 200:

RMKCSQPPRC HFQSDFFQKCA PCPRAQTHWL EPPGRVQTIS SMRNAQKGFA DSIRLWRLPA 60
SGVGWVVSPP IQTQEVAPG MYLVGSSSGT LGGCRALTQV FLSLSSLGCV CACACACLCF120
45 SLWAHQDAPR RACARVPT 138

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 201

- 50 (A) LÄNGE: 132 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 201:

15

VHGREARLGT LAGTAALKPA LLSGYQTFKG QDVLRRVPVA ARRPAACPR VTAWRCWGS 60
HLPCLCQEG EAFEEASVLA ARSLSQPLPG SCTGQGLIPC HAGPLEQVGW GWYVLSPPW120
QPCPLGKVIS DL 132

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 202

20

(A) LÄNGE: 131 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 202:

35

RLFIGCSLQN KQRWDWGPSL GPCTPLSRAY NHVHRPGRGP ALCPTKSSLH QSSWSPPLRD 60
PAQLPRSWG I GTRVPWRVQE MRRIPCTLRR TTPPELWSRG HCERRQERH VEDTLTDPVG120
SGRAEDRHTK P 131

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 203

(A) LÄNGE: 76 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

45

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 203:

5

LAAIKDQLEG VQQALSQAAP IPEEDTDTEE GDDFELLDQS ELDQIESELG LTQDQEAQ60
QNKSSGFLS NLLGGH 76

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 204

10

- (A) LÄNGE: 102 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 204:

RVCSKHFLRL PPSQKRTQTL KKVMTLNYLT SQSWIKLRVN WDLHKTRKQK HSKIRSLQVS 60
FQICWEAINL GISLQQSTKN TKKISNKKKK KKRKRKKLNC KL 102

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 205

- (A) LÄNGE: 80 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 205:

ICLHHNHCLC DTQLLAFYGL IPPTARLEMA VNGACFFTNK PKSTTAEITW KRFSLSRVLK60
YTFKFFPKKL ILIVFPKSFN 80

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 206

(A) LÄNGE: 76 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 206:

GKPAALEAHQ GSRLQGRSRE QAAIPPLLSS RTQLCGLGFL FAGLAPCTRL VLELEGPILP60
RGDSQGCRGI GWRRVL 76

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 207

(A) LÄNGE: 72 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 207:

NLRVSQLPWK PTRAPDCREE AGSRQPYLHS CPQGLSCVAL DFFLRDLRPA GHWCSWRVL60
SCPGVTPRVA GG 72

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 208

(A) LÄNGE: 73 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 208:

10 PGMSSLQDRH GRTIWFQVGP YCSHRQRPQE ADGWKRGVTI TGVVMLRVCL DPPRTTLFLR60
VTPLPSHASQ GCS 73

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 209

(A) LÄNGE: 182 Aminosäuren

15 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

25 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 209:

30 QRWLWTSSTS PCWIRAFLEPP AGQVWPCSLG RAPAPLTTLQ LTMQLMPKLW CPVCSSPGSH 60
CHLQRGSLLR PTLHLAPPW LLAWPNLAF AMLELELLF FRGGNRVESG KGLAPKCCC120
GFFAFSKDAL PGPKLQTAVL SKQVRSLGFG AHLGSGSISI LLLATSGQRP PQPHIARCWQ180
KG 182

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 210

(A) LÄNGE: 130 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

40 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 210:

VGPGKQPWWG QVKQCGSQQG TPLKVAVAPR AAAHWTPQLW HQLHGELQSG QRGWGPAKRA 60
RPDLPSGRQE GPDPAARRSG SPQPPLLLIA TGTSGDRLCS WESRSPGFVG LPAGDRHVSH120
RERPGSRPQL 130

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 211

(A) LÄNGE: 111 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

10

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 211:

VTGKGRDPGL SCSSSWKRWS RTVTIHADTE QQYETEQLRA VSSSAEAAWA ATPPFCNHPM 60
MSPPHLTSRW GWMAEQMKPA LWRGSLTEMH TFMGEVDGHL TSLMFHTVDC T 111

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 212

(A) LÄNGE: 243 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

30

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 212:

DVQVAGPEPD CRVHSHVLPQ QAHRLAPGPY SVGESLQPRE GCEDCDRQKA NLRIRFKPSL 60
FQHVGTSSSL AGKIQKLKDK DFGKQALRKE HVNPPAEVST SLKTYQHFTL EKAYLREDDFF120
WAETPAAGDF IRFRFFQPLR LERFFFRSGN IEHPEDKLFN TSVEVLFPDN PQSDKEALQE180
GRTATLRYPR SPDGYLQIGS FYKGVAEGEV DPAFGPLEAL RLSIQTDSPV WVILSEIFLK240
KAD 243

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 213

50

(A) LÄNGE: 244 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 213:

15

GRTGVSVMVG IPSVRREVHS YLTDTHLSLI SELSPQEKED SVIVVLIAET DSQYTSVTE 60
 NIKALFPTEI HSGLLEVIS PPHFYPDFSR LRESFGDPKE RVRWRKQNL DYCFLMMYAQ120
 SKGIYYVQLE DDIVAKPNYL STMKNFALQQ PSEDWMILEF SQLGFIGKMF KSLDLSLIVE180
 FILMFYRDKP IDWLLDHILW VKVCNPEKDA KTVTGRKPTC GSASNRPSST TWALTPRWLA240
 20 RSRN 244

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 214

25 (A) LÄNGE: 210 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 214:

40

PAESQPADPL QTVPLPARGH SLLAGWQDPE TEGQRLWKAG AAEGACEPAS RGEHEPEDIP 60
 ALHPGESLPA RGLLLGLHPC RGGLHPLPLL PTSKTGAVLL PQWEHRAPGG QALQHVCGBA120
 ALRQPSVRQG GPAGGPHRHP PVPSEPRRLP PDRLLLQGS RGRGGPSLRP SGSTAPLDPD180
 45 GLPCVGDSE DLPEKGRLLSC GLLRVPCGQP 210

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 215

(A) LÄNGE: 128 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

50 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 215:

GGAGLVHGSA DWPC LAPWRV SSCFLPGTEL RGLGAPGAKS RLWCRGGGLS LNRHPEVLLR 60
CWVHPEWHGE QLWPVLLPRP VLGKLSSGPS LQRPRMGVWV GTHGEWPEEL RVKRAPVCWL120
QRPGAPLS 128

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 216

(A) LÄNGE: 124 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

20

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 216:

FPQDWPRKEH RPQLLPVPLR VDPASQEHLR VSVKRQASTP APEPALSSRC PQTPQLCARQ 60
EAARHTPGRQ ARPVRGPMDK PSPASGKTGP FPTGHAPELW QIAGAIVWGE FNKSPFENEK120
KKKK 124

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 217

40

(A) LÄNGE: 142 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 217:

5 VPHTHPIGL CKEGPELSFP RTGLGRSTGH SCSPCHSGWT QHLRSTSGCR LRDRPPPLHQ 60
SLLLAPGAPR PRSSVPGKKQ LDTRQGAHKG QSADPWTSPA PPQKGQGLSL QDTPQSCGRL120
QEPSCGENLI KALLMKKKK KK 142

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 218

10 (A) LÄNGE: 379 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 218:

25 RRGLEGFNGG WTEMPGILWM EPTQPPDFAL AYRPSFPEDR EPQIPYPEPT WPPPLSAPRV 60
PYHSSVLSVT RPVVVSATHP TLPSAHQPPV IPATHPALSR DHQIPVIAAN YPDLPASAYQP120
30 GILSVSHSAQ PPAHQPPMIS TKYPELFPAH QSPMFPDTRV AGTQTTHLP GIPPNHAPLV180
TTLGAQRPPQ APDALVLRTO ATQLPIIPTA QPSLTTSRS PVSPAQISV PAATQPAALP240
TLLPSQSPTN QTSPISPHTP HSKAPQIPRE DGSPKLLALW LPSPAPTAAP TALGEAGLAE300
HSQRDDRLL VALLVPTCVF LVVLLALGIV YCTRCGPHAP NKRTDCYRW VIHAGSKSPT360
EPMPPRGSLLT GVQTCRTSV 379

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 219

40 (A) LÄNGE: 157 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 219:

5 VDTDECQIAG VCQQMCVNYV GGFECYCSEG HELEADGISC SPAGAMGAQG SQDLGDELLD 60
DGEDEEDEDE AWKASTVAGR RCLGSCGWSL RSRLTLPWPI DRASQRTESH RYPTRSPFGH120
PRSVPPGSPT TPQCSPSPGL WWSLPRIPHC LLPTSLL 157

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 220

(A) LÄNGE: 211 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 220:

PPPPGLCLL PIKSLCLLPP SPQSPPPSCP LRAPLTRPHP SALHIPIKP PKSQGKMAPV 60
PSWPCGCPHQ LPQQPQQPWG RLVLPSTARG MTGGCWWHSW CQRVSEFWSC LHWASCTAPA120
VAPMHPTSAS LTAIAGSSML GARAQQNPPC PGAASQGCRC AEPACDGVQT PLMEYGALDT180
WPGLHQGPMG AAQLDRWLPA PQAQFGSSLN H 211

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 221

(A) LÄNGE: 117 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 221:

LGEPQISGAQ PGRVWGQLCQ STSQAHPPLPG MPWDHGQGR L WGSETPLLST PSQNTLRVSG 60
LWREWGRKN WHPREGDER FALILREASE KCFKVCVMRQ AVSGGLSSP LPPSFPK 117

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 222

- (A) LÄNGE: 198 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 222:

NKELSSLKSS DVVMTHTESC ITVASRATHL FGLSDGHSFT TQQQTPHTGT RMSASTWEAV 60
AEPGRWPGPD HGLSGAGHQG VRVPMLPQGV GMTGRSLVTR QWTSLGEGWR ERAGQAPAAH120
RLAHANTLKA LLGGFSENQG EALVSFPRKV PILPPAPLSP EPRDPQGVLA GGAKQRCCLRP180
20 PEPSLPMIPR HARQGVGL 198

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 223

- (A) LÄNGE: 98 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 223:

40 SHGMPGRGWA CEVDWHSCPH TLPGWAPFIW GSPSQHGVLG ACPGPFTRTE APHPLSHFSR60
WKTQRRKRPW GGVPSCLQLA PWVPLCGGSP DSISSASE 98

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 224

- (A) LÄNGE: 298 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 224:

10 ATRRRAAEAG MAAVLQQRVER LSNRVVRVLG CNPGPMTLQG TNYTLVGTGP RRILIDTGEP 60
AIPEYISCLK QALTEFNTAI QEIVVTHWHR DHSGGIGDIC KSINNDTTYC IKKLPRNPQR120
EEIIGNGEQQ YVYLKGDGVI KTEGATLRVL YTPGHTDDHM ALLLEENAI FSGDCILGEG180
TTVFEDLYDY MNSLKELLKI KADIYPGHG PVIHNAEAKI QQYISHRNIR EQQILTLFRE240
15 NFEKSFTVME LVKIIYKNTF ENLHEMAKHN LLLHLKKLEK EGKIFSNTDP DKKWKAHL 298

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 225

(A) LÄNGE: 58 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

20 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 225:

35 GFSWGRSPLG RCWCLGGSWD PGYSPHARL DWTAARRAAV QQPFPPQPPA GVSPIWIL 58

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 226

(A) LÄNGE: 73 Aminosäuren

40 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

50 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 226:

SGSLSLNHIS IFQINILLLS ISYNFFSLRI PWEFFNAIGS VIIDAFTNIS YASRMISVPV60
SHYNFLDCCV KFS 73

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 227

- (A) LÄNGE: 141 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 227:

AFLLRPSVTA STRLLPVCAS PRSSPGPSPA QQQQAWQQAW SSARAPSRCR ARPSSSERPC 60
PAVGRLASLY CCCMVFASPP RPGRITVWHCT GWPRLATGLW PLTCQVWGTP RKQQPLPLLG120
SWPLAASWRL WWMPWSWAPR L 141

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 228

30

- (A) LÄNGE: 244 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 228:

VPPPALGHRQ HAPASRLRES TQLPRPFTST AAAGMAASVE QREGTIQVQG QALFFREALP 60
GSGQARFSVL LLHGIRFSSE TWQNLGTLHR LAQAGYRAVA IDLPGLGHSK EAAAPAPIGE120
LAPGSFLAAV VDALELGPPV VISPSLSGMY SLPFLTAPGS QLPGFVPVAP ICTDKINAAN180
YASVKTPALI VYGDQDPMGQ TSFEHLKQLP NHRVLIMKGA GHPCYLDKPE EWHTGLLDFL240
QGLQ 244

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 229

- (A) LÄNGE: 144 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 229:

WTDHNRGAQL QGIHHSRQEA ARGQLPNRGR GCCFLGVPQT WQVNGHSPVA SLGQPVQCTQ 60
VLPGLGGEAN TMQQYREAS LPTAGQGLSE EEGLALHLDG ALALLHACCH ACCCCAGEGP120
GELRGLAQTG SRRVLAVTEG RRRN 144

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 230

- (A) LÄNGE: 135 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 230:

LEFFIPCLGS VNEACLFPGV SFHGLYFSSS SGSFAGSSLW KLHERWLGLG FAGVYSRVKA 60
EWDLRPRLGT TQAEKGRFHH SQCPHSTTS ARAPPSLLPH PAIVRGATVG RRVPRRGLFL120
LPVPEKAFPL LKFKH 135

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 231

- (A) LÄNGE: 96 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 231:

GGPVCWEPQV TPFSSYSVPG ASCPPLQILG KENVYVAGYC MVTSEGRPLG THLPTAAQAR60
AQAHLLVLRP QIKPSPHMA SDRFLPSRKF CGCAVL 96

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 232

(A) LÄNGE: 83 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 232:

CCGEGTVNDG NVPSQPGSCL TWVSNPTLPS PWSTLQRSRG PANAREVSTE KSLQNSHWKR60
RNKGHGKKPQ GRDRPRSQTL GRE 83

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 233

(A) LÄNGE: 52 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

40

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 233:

ASPASLAQAT SRQPAPSPRA RSHLATSTSW TSSARSDAGC GECRRDPGAP PR

52

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 234

(A) LÄNGE: 94 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

10

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 234:

LGSAWQQLRR PEASETLRLV GTHRPRQRAL PRQRVASPPP RRGGLTSPP VRLGQVVPGL60
MPGVVSAAGT QVRRLEVPFA SLRLQHHLQL REGL

94

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 235

(A) LÄNGE: 95 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

30

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 235:

ARPSRSWRWC CSRSDAGTSS RRRTWVPAAL TTPGIRPGTT CPRRTGGEVR PSRRGGGLA60
TRCLGKARWR GLCVPTSRRV SDASGRRSCC QAEPR

95

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 236

(A) LÄNGE: 174 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

50

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 236:

15 APTNTRSSSK FATSGSPGYP IASSGASPEV RQRRTTFFRF RPPGESLCGDM KLLTHNLLSS 60
HVRGVGSRGF PLRLQATEVR ICPVEFNPNF VARMIPKVEW SAFLEAADNL RLIQVPKGPV120
EGYEENEEFL RTMHHLLEEV EVIEGTLQCP ESGRMFPISR GIPNMLLSEE ETES 174

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 237

20 (A) LÄNGE: 225 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:

: (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 237:

35 YRAQKHCVWC HWVKGWGYTR QNSETGYRST KIHSHNKKNW RLAQSTLSFL FTQQHVGDPA 60
ADGEHTSRFR ALQALYHFH LQQQVVHGPQ KLLILLISLN RPFRLDQTQ VIGRLQERRP120
LHFRYHTRHE VGVEFHRADT DLGGLEAQGE ATGPHPPHMR AQQIVGKQFH VAAQTLARPE180
40 PEKGRPPLPH FRGCSTRCYW IARRTGSGEL AGTSRVCSS FLYAN 225

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 238

45 (A) LÄNGE: 209 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 238:

TFNEKKIYNT ELKNTVFGVI GSRVGDTHGR IRKQGIDQQK YTVITRKTGA WHNQLSVSSS 60
LSSMLGIPRL MGNIRPDSGH CRVPSITSTS SSRWCMVLRN SSFSSYPSTG PFGTWIRRL120
10 SAASRNADHS TLGIIRATKL GLNSTGQIRT SVAWRRRGKP RDPTPRTCEL SRLWVSSFMS180
PHKLSPGRRR KKVVLRLCLTS GDAPLDAIG 209

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 239

15 (A) LÄNGE: 146 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 239:

30 INAFSHRNAK ININPPDAVA AALRPKSQRP RLTIKVFSE SVGVSVNGCA LGGTVERCAK 60
SELQTIGQGH GVATRRRLSA GAPPRTHSQQ SSHWHEELKNK HLQGRGKRPR SRRSRARASA120
ARGAPTGSQR GGSPKRARSQ RSRVLA 146

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 240

40 (A) LÄNGE: 134 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 240:

SRTFSFLSFL HCANILTLFV SFQEPHRHIQ VKRSLNKCLQ PSQCKNKYQS SRRSSSRAAP 60
 KVPTATPNNY KSVQRECWRE CEWVCAGGHG GAVCKIGVAN HRTRAWSGYP PPTQRGRASP120
 HTLTAEFALG RVKK 134

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 241

(A) LÄNGE: 147 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

10

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 241:

PARTDRPLL ARFGLPPRCE PVGAPLAALA LARERRERGR FPRPCKCLFF NSSQCELCCE 60
 CVRGGAPALS RRRVATPCPC PMVCNSDFAH RSTVPPSAHP FTLTPTLSLN TFIIVRRGRW120
 DFGRSAAATA SGGIFIFAL RWLKAFI 147

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 242

(A) LÄNGE: 88 Aminosäuren

30

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

40

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 242:

PVLCRGNSSGS LSRKFPPKPQ KPADKDHPRT CVYLENRSPG KSDLATPGR SGLESGYQNL60
 LRQHQPFGRC PTWPGSRWKV PRRFPGYG 88

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 243

50

(A) LÄNGE: 164 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 243:

15 QDGCPSGDF AALQSLKAS SKDVVRQLCQ ESFSSSALGL KKLLDVTCS LSVTQEEAEE 60
LLQALHRLTR LVAFRDLSSA EAILALFPEN FHQNLKNLLT KIILEHVSTW RTEAQANQIS120
LPRLVDLDWR VDIKTSSDSI SRMAVAPPGL VPDGRFQGGG QAMG 164

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 244

(A) LÄNGE: 87 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 244:

FAWASVLQVD TCSRMI FVSR FLRFWWKFSG KRARIASAE RSRNATSLVR RCRAWSSSSA60
SSWVTDKLEH VTSKSFFKPR AELEKLS 87

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 245

(A) LÄNGE: 129 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 245

5

DGPGGPTAHP HRCAPPPGVC PGQAPAHLLL CAAAPGHGQ GQQPAAGGLV GDADDRAGDLE 60
CSPRRIFLHP RLHPPRHLGS CHLDRGCGCA GWSCCLHLRE TGWYILGPAE DSASAGSFLH120
SHRCPQMLE 129

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 246

(A) LÄNGE: 268 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 246:

ASPSNSQPTS PASAPALPPP ARRSRGAQTV SLTMGTADSD EMAPEAPQHT HIDVHIHQES 60
ALAKLLLTCC SALRPRATQA RGSSRLLVAS WVMQIVLGIL SAVLGFFFYI RDTLLVTSG120
30 AAIWTGAVAV LAGAAFIYE KRGTYWALL RTLLALAAFS TAIAALKLWN EDFRYGYSYY180
NSACRISSSS DWNTPAPTQS PEEVRLHLC TSFMDMLKAL FRTLQAMLLG VWILLLLASL240
APLWLYCWRM FPTKGKRDQK EMLEVSGI 268

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 247

(A) LÄNGE: 103 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 247:

DCTQDPQHDL HHPGRGHQPPA AAPGLGGPGP QRRAGEQEL GQGRLLVDVH IDVGVLWGLR 60
GHLITVGCSS CQGHSLRSSG PASGRREGWG AGWRSGLRVG GGG 103

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 248

5

- (A) LÄNGE: 86 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 248:

GSRRRDGGGA GAAPVAPRAL GRRARAGRCS EDEGGGGAQR VWGEQPVLAS GQSPPGQEGS60
FTRVWTRASL PTLGQVLQPG GVHVQV 86

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 249

- (A) LÄNGE: 154 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 249:

ARGGAMAAGL ARLLLLLGLS AGGPAPAGAA KMKVVEEPNA FGVNNPFLPQ ASRLQAKRDP 60
SPVSGFPVHLF RLSGKCFSLV ESTYKYEFCP FHNVTQHEQT FRWNAYSGIL GIWHEWEIAN120
NTFTGMWMRD GDDCRSRSRQ SKVELACASP SNCV 154

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 250

50

- (A) LÄNGE: 95 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 250:

15 PLDAVARART RQLHLALPAP GTAVVTVPHP HAREGVVGD L PLVPDAEDPT VGVPAEGLLV60
LGHVVERAEL ILVRGLHQAE ALARESEEMH GSRHG 95

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 251

(A) LÄNGE: 240 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 251:

35 KVTDGHTRTP RSGVPRQHEA GSPGLTASHA MSIHLAGSLT AMDSICASER SQGVWRAPTP 60
GCQGLSPGPR PGELPGGSSP EERLGRLAVA GPPRGAQNVS QAGPEAEAPP LRFGHAWGAQ120
40 TPRLGAPGPW TPLPTLPSHI PPFWSQTPAQ RKEGFTEEGQ GRAWPQGGDE DISGPGSCRL180
LWEEEPVCVK LLGLAARPTA GPSLDPCTWP SSCPLAAPGL GTGIEPRGLG WLGQGRDREG240

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 252

(A) LÄNGE: 216 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 252:

10 GLVMPGELRR PGLGPQAHGL PSPLCPPIFP LFGPRHQHKE RRGSRQKARA EPGPREGMRT 60
FPVQVAAGCS GRKSHASVNC WGWRPAPLQG PALTPARGHP AALWLPLALA QASSLEGWAG120
WARAGTGRGS TSDPDVGWLC PPRREAQOTS YTKAKSTIGE PRSHFMGRRP RPQGPQSKAR180
GRFIPEDSPP GAAPAWGGVS RPLGCLSVCG TPWSTP 216

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 253

15

(A) LÄNGE: 218 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 253:

VLRRLYIYIL YITNMKWFST QPLWLNTKQR SHRRGPGPPP APLSGVLGSR GLPHHPSQGW 60
GRAGPRAGAN VAWNSNCIVR WVGGQWARGC SQPGPFTTNL AMTCGGPWGS GCLLGSTLSE120
35 VSPWAPPSCP QGHPVLPTRL WAWGLQDPLC RVRVGAGHGS RHQPDAPVGV ARSWDGVVRN180
TAPKTQNKNT TNGRRSPPT EVGFPELLIF PVSFLQPW 218

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 254

40 (A) LÄNGE: 79 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 254:

RDGGGAGAAP VAPRALGRRR RAGRCSEDEG GGGAQRVWVS SLAGWRLERG TARARSPLTL60
PLPVGGTTRS CLRPVASRP 79

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 255

(A) LÄNGE: 79 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 255:

LGLEATGLRQ ERVVPPTGSG KVSGERARAV PRSSRQPARL LTQTRWAPPP PSSSLHLPAR60
ARRPRARGAT GAAPAPPPS 79

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 256

(A) LÄNGE: 79 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 256:

WPGGDWPEAR TGCSTYGKRQ GQRGTGPGRP PLEPPAREAA HPNALGSSTT FIFAAPAGAG60
PPAESPRSNR SRASPAAIA 79

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 257

(A) LÄNGE: 51 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 257:

15 GHLGGPTGSV CSRILLASSP FYMNCCINKH RVPETTEVII LPTECWPGQA W 51

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 258

20 (A) LÄNGE: 49 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 258:

35 GGGFLGQIDK SKDNISLVTV IQLHSYTV AL FGLSHEEVLV TNYVFGCF 49

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 259

40 (A) LÄNGE: 48 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

50 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 259:

5 AFTRNNTNKV SDMLANQARL RSLRRPNWLC LLKDSSGLVS ILHELLHK

48

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 260

(A) LÄNGE: 179 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

10 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 260:

25 PGISVSVDKM ESSPFNRRQW TSLSLRVTA ELVLNKNKS SAIVEIFSKY QKAAEETNME 60
KKRSNTENLS QHFRKGTLT LKKKWENPGL GAESHTDSL NSSTEIRHRA DHPPAEVTSH120
AASGAKADQE EQIHPRSLR SFPEALVQGR YPHIKGEDL KDHSTESKKM ENCLGESRH 179

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 261

30 (A) LÄNGE: 56 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 261:

45 QATLLLEPKL TKKNKSTPDL DSGHLLKPSF RVDIPTSRV RILKTTQQKV KKWKIV

56

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 262

50 (A) LÄNGE: 94 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 262:

DSAPSPGFESH FFFNTVRVPF LKCWERFSVL LLFFSMFVSS AAFWYLENIS TIADDLFLLT60
RESSLAATLN DSEVHCRLN GDSILSTDT EIPG 94

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 263

(A) LÄNGE: 75 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 263:

VMSPADKAA RADSARAARG KRKKNVEENM AYSALMEVAG YCLIERMLWN PMLKIKSVWL60
CSYAVMVIPI QLAKV 75

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 264

(A) LÄNGE: 74 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 264:

5

AMFSSTFFFL LPRAARAESA RAALSAGSLI TYAFYKRLPK KKLTRNVDK PLKANKQQT60
VFAFSYSWQA EVRA 74

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 265

10

- (A) LÄNGE: 63 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 265:

DSKAFSLLSS NQPLPSKLSR PCFPPHFFF YLEPLEPNRL EPPCLLDHSS PTHFIKGYPK60
RNC 63

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 266

- (A) LÄNGE: 94 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 266:

RRGSGSRSSM APVLASMLWM STRGTAMTST SLCTSRARSR PMPSSSSPTP TAWRCCCATR60
TRVSTSTRTG ASLRMWCCSG GRCLLLWPTS APT 94

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 267

- (A) LÄNGE: 254 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 267:

GDRKPLYHYG RGMNPADKPA WAREVKERTR MNKQQNSPLA KSKPGSTGPE PPSPQASPGP 60
PGLPWAPKPY HKFMAFKSFA DLPHRPLLVD LTVEEGQRLK VIYGSSAGFH AVDVDSGNSY120
DIYIPVHIQS QITPHAIIFL PNTDGMEMLL CYEDEGVYVN TYGRIIKDVV LQWGEMPTSV180
AYICSNQIMG WGEKAIEIRS VETGHLDGVF MHKRAQLKF LCERNOKVFF ASVRSGGSSQ240
VYFMTLNRNC IMNW 254

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 268

- (A) LÄNGE: 231 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 268:

GKKHLVIPLT QELEPLSSFV HEDPVEVARL HRADLNGFLT PAHYLVGADV GHRSRHLPLP 60
QHHILNDAPV RVDVDTLVLV AQQHLHAVGV GEEDDGMGRD LALDVHRDVD VIAVPRVDIH120
SMEASTGAID DLEPLPLLYC QVDQQRAGE VGKGLEGEF VVGFGGPGEA WGPWGGLGAG180
GLRPRAAWLA LGQGRVLLLV HPCSLFYLSG PGWFSVSGIHA PTIMVQGLPV P 231

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 269

- (A) LÄNGE: 454 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 269:

GAGCTSPGLW ARKAAARCLP TYPSSRAQPSN VGRRRRRRPG LGALAAGVPA MAESVERLQQ 60
RVQELERELA QERSLQVPRS GDGGGGRVRI EKMSSEVVDS NPYSRLMALK RMGIVSDYEK120
15 IRTFAVAIVG VGGVGSVTAE MLTRCGIGKL LLFDYDKVEL ANMNRLFFQP HQAGLSKVQA180
AEHTLRNINP DVLFEVHYN ITTVENFQHF MDRISNGGLE EGKPVDLVLS CVDNFEARMT240
INTACNELGQ TWMESESVSEN AVSGHIQLII PGESACFACA PPLVVAANID ETKLKREGVC300
AASLPTTMGV VAGILVQNVL KFLLNFGTVS FYLGYNAMQD FFPTMSMKPN PQCDNRNCRK360
20 QQEEYKKKVA ALPKQEVQEE EEEIIHEDNE WGIELVSEVS EEELKNFSGP VPDLPPEGITV420
AYTIPKKQED SVTELTVEDS GESLEDLMK MKNM 454

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 270

(A) LÄNGE: 123 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 270:

40 KLTVPKFNRN FNTFCTKIPA TPIVVGRLA AQTPSRFRVF SSIFAATTSG GAHAKQADSP 60
GIISCICPET AFSLTPDSIH VCPSSLQAVF IVIRASKLST QLRTSTGFP SSNPPLLILS120
MKC 123

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 271

(A) LÄNGE: 176 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 271:

10 CSSEYVLLLE LYLILLDEVG RKVYSYWLVP PCHNQRVATY QCHILSAFQQ SHYLLHQHLL 60
LLRQRYGFSH SRLQPPFVSM PSSGCRDSNP PPLSSSSRCG PGRPLRRRSS GPADSSPGQV120
PAPAPGPAAA GAPQTPPWLG LRPPTL PARA FAAAFAPRCS AGPARGTWGG TSPLPS 176

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 272

15

(A) LÄNGE: 117 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 272:

EARQAWTGAK GAGSLTFSSL QSGHLASGSQ SPESTKAPGT PPTPSYPGTP SRQLLWQWVQ 60
PRPALPASSP CSRHQLYLPR QAMSWLLSPA PSVPLDFSGA SPVWATLCFP HPRLPHR 117

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 273

(A) LÄNGE: 86 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

40

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 272:

APALPPFAGN VLASQPSTIC SPRLLRGQPS LGHPLFPSSS APTQVTDPAD SFSLGKVGCC60
 LTSPSSPPPI HTHRHPPTPG RLVSHM 86

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 274

- (A) LÄNGE: 177 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 274:

EARTLPAGGG RAGAYCRERR LAVLAWAGPT AITVAYLGSL GRMEWVGCQG LWCFLVIGTL 60
 MPSAHFAKKK KLMTLLPWLL SMLAWPPRVG GTSPLLAEG EQVLSYDPIH QAGVLSPSGH120
 25 HSSQHQPVG LGQGSEKGWQ EVPRSSQPGR GTNALNTSKL RDPKVSTPGS GLPPHRH 177

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 275

- (A) LÄNGE: 71 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 275:

QFPGPSVPEQ STSVSVTTSC LFPSLHLLQF IYMLLLLVHF CLPYQAVNEG RNLVCFIHHH60
 VPSAWHIVGL H 71

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 276

- (A) LÄNGE: 102 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 276:

FFFFFFFFF FFFCLINMSI YLAPDGNTKS WQWEWKGSLS QILPYYVDPK AGLGSKAHKP 60
PKQIFIEHLD YYRPSILLGT MGDVKEVISH MICLQAKNA SG 102

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 277

(A) LÄNGE: 65 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 277:

GVIESRRVLS RGVIRFIFKQ PNPGRGCPIL SALKKIPFPY LPASIMSVEE SNCGSFEGDG60
PFFPV 65

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 278

(A) LÄNGE: 65 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

45

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 278:

FFFFFFFF FFLFNKYEHL FGTRWQYKIL AVGVVERFSLS NTSILCRPKG RTWQQGSQTT60
QTNIY 65

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 279

(A) LÄNGE: 489 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 279:

LADSFPGSSP YEGYNYGSFE NVSGSTDGLV DSAGTGDLSG GYQGRSFEPV GTRPRVDSMS 60
SVEEDDYDTL TDIDSDKNVI RTKQYLYVAD LARKDKRVLR KKYQIYFWNI ATIAVFYALP120
30 VVQLVITYQT VVNVGTGNQDI CYYNFLCAHP LGNLSAFNNI LSNLGYILLG LLFLLIILQR180
EINHNRALLR NOLCALECGI PKHFGLFYAM GTALMMEGLL SACDHVCPNY TNFQFDTSEFM240
YMIAGLCMLK LYQKRHPDIN ASAYSAYACL AIVIFFSVLG VVFGKGNTAF WIVFSIIHII300
ATLLLTQLY YMGRWKLDG IFRRIHVLV TDCIRQCSGP LYVDRMVLLV MGNVINWSLA360
AYGLIMRPND FASYLLAIGI CNLLLYFAFY IIMKLRSGER IKLIPLLCIV CTSVVWGFAL420
35 FFFFQGLSTW QKTPAESREH NRDCILLDF DDHDIWHFSL SIAMFGSFLV LLTLDDDLDT480
VQRDKIYVF 489

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 280

40 (A) LÄNGE: 182 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 280:

5 APLCHRPVTL SCCGDESQHR CPALDGSRTA RSSLGLAWDS HGVAWNLAAL LCRGAGLLPW 60
DPQMLAKLLL SSQCWGLPWA PVLWLSICPF ARGRMEGTPS PFHALHFARP PPHNAPAWDL120
RPLFPILPL QGLVWGLNLC PVSGPQFSLG CPWLPSLPIP VSQDGWGYEI LGVGQLVPDF180
WC 182

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 281

- 10 (A) LÄNGE: 536 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 281:

ARPGCPAAIQ CWA AVLGLIP TARQSDRSMT QRSSGPLEVK RRAQLLEDI DLVPLHSIQV 60
VIQCQHQEG PEHGDGGEEV PDVVVVKEVE EDAVPVVLPR LCRGFLPGAE SLEEEEEEREA120
PDHGGANDAE QGDELDPLPT PELHDDVEGE VKEQVADANG QQVGSEIIGA HDKPIGSQRP180
30 VDDVAHDQQH HAVHVERPAA LPDAVCVEHV EDAAEDPRVQ FPPAHVIELR AEEQGGDDVN240
DGEDDPERRV PFAKDHAQHR EEDDNGQAGV GTVGAGVDVR VPLLVELQHA ESGDHVHERC300
VKLEIGIVGA HMIASTEQPL HHQGCAGHVE KPKVFGDPTF QGTEVIAQQG PVVVDLPLQD360
DEQEKQPQD VPQVAEDVVE GAEIAQWVGA EEVVVADVLI PCDIHHRLVG DHQLHHRKGI420
EDSNGGNVPE VDLVLFQNT LVLPCQVSHI EVLLGANDIL VGIDVGQCVV VILLHRAHGV480
35 HSGPSTYRFK GAALVTVREV PSASAVNQTI GRSRNILKGA IVVTLIRGTA RKRISQ 536

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 282

- 40 (A) LÄNGE: 551 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 50 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 282:

5 PLSSPSCCRY RRCRRRLRPP LRSVVQPGPR TMSLSRSEEM HRLTENVYKT IMEQFNPSLR 60
NFIAMGKNYE KALAGVTYAA KGYFDALVKM GELASESQGS KELGDVLFQM AEVHRQIQNQ120
LEEMLKSFHN ELLTQLEQKV ELDSRYLSAA LKKYQTEQRS KGDALDKCQA ELKKLRKKSQ180
GSKNPQKYS D KELQYIDAI S NKQGELENYV SDGYKTALTE ERRRFCFLVE KQCAVAKNSA240
AYHSKGKELL AQKLPLWQQA CADPSKIPER AVQLMQQVAS NGATLPSALS ASKSNLVID300
PIPGA KPLPV PPELAPFVGR MSAQESTPIM NGVTGPDGED YSPWADRKA QPKSLSPQS360
10 QSKLSDSYSN TLPVRKSVTP KNSYATTENK TLPSSSMAA GLERNGRMV KAIFSHAAGD420
NSTLLSFKEG DLITLLVPEA RDGWHYGESE KTKMRGWFPF SYTRVLDSG SDR LHMSLQQ480
GKSSSTGNLL DKDDLAIPPP DYGAASRAFP AQTASGFKQR PYSVAVPAFS QGLDDYGARS540
MSSADVEVAR F 551

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 283

- 15 (A) LÄNGE: 185 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 283:

30 AGEAAGQPGS PPSHQLAKCP PLTQGYPR LH GHVTRGVYPQ EAAPQPWAAQ PLGLALQGPA 60
PHSARPCLEQ LGSSPGQTQV GQDQAAGAWM FSTQERTDDD RTGYMGRAGE ATRWAALQMW120
PSAEEGGRP V GHCRQLQDV KGILTLVRR LRIWPLPHRR CSWTALHSHP GPGRRRARPH180
35 CRASA 185

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 284

- 40 (A) LÄNGE: 518 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 50 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 284:

5 SGGSESGHFH IGAAGHPRSI VIQALGEGGH GHTVGPLEA AGRLGEGPG GGAVIGWDG 60
 QVVLVQEVAR AAALPLLQAH VQPVTIAVQ DPGVGEKPA PHLGLTSLV VPAIAGLRHQ120
 QGNEVTLLA QEGAVVPSSV GEDGLHPHTA IALQAGCHGA RARQSLVLGG GIAVFWGHAL180
 AHGECVGVGV AELALRLRRR QGFGLGSLAV SPRAVVLAIR ACDVHDGCA LLGRHPPHER240
 CQLGGHRQGL GPRNGVNDQ VGLGGRQGAG EGGAVAGHLL HELHRALRDL AGVGTGLLPQ300
 RQLLRQQLA LGVVGRGVLG HGALLHQEA EAPALLCQCG LVAVGHVILQ LALLVADGVD360
 VLQLLVRLV RILAAALLP KLLQLSLTLV QGVAFAPLLS LVFLQRSTQI PGVQLHLLQ420
 10 LRKQLVVKRL QHFFQLIDL PVDFSHLEEN VSEFFGALAL AGQLPHLHQG VKVAFGCIRH480
 TCQCLLVILP HGDEVPEARV ELLHDGLIDI FREPVHLL 518

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 285

- 15 (A) LÄNGE: 217 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 25 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 285:

30 VREAAARREQR YQEQGGEASP QRTWEQQQEV VSRNRNEQES AVHPREIFKQ KERAMSTTSI 60
 SSPQPGKLRs PFLQKQLTQP ETHFGREPAA AISRPRADLP AEPPAPSTPP CLVQAEAEAV120
 YEEPPEQETF YEQPPLVQQQ GAGSEHIDHH IQQGLSGQG LCARALYDYQ AADDTEISFD180
 35 PENLITGIEV IDEGWWRGYG PDGHFGMFPA NYVELIE 217

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 286

- 40 (A) LÄNGE: 162 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 286:

AGASGRLWLP SAFICLFSFS LASKGWWPPL FRMTLGNSER RELFLAEFVT KVRVDHGGLA 60
 AGNLSWLSL CAPHISLSL CLGYGKWGCR WPSSHPGYSK TADTTCSSTR LTRCLQAPVC120
 ASTDSDFRKS NTEWPWPVVF PYFLSQLIRV SEEQICFWTK KK 162

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 287

(A) LÄNGE: 173 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

10

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 287:

LLACRGWPGR RWHEELNSGK VMYAFCRVKD PNSGLPKFVL INWTGEGVND VRKGACASHV 60
 STMASFLKGA HVTINARAEE DVEPECIMEK VAKASGANYS FHKESGRFQD VGPQAPVGSV120
 25 YQKTNVSEI KRVGKDSFWA KAEKEENRR LEEKRRAEEA QRQWSRSAGS VSA 173

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 288

(A) LÄNGE: 597 Aminosäuren

30

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

40

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 288:

45 EKCGQYIQKG YSKLKIYNCE LENVAEFEGL TDFSDFKLY RGKSDENEDP SVVGEFKGSF 60
 RIYPLPDDPS VPAPPRQFRE LPDSVPQECT VRIYIVRGLE LQPQDNNGLC DPYIKITLGK120
 KVIEDRDHYI PNTLNPVFGF MYELSCYLPQ EKDLKISVYD YDTFTRDEKV GETIIDLENR180
 FLSRFGSHCG IPEEYCVSGV NTWRDQLRPT QLLQNVARFK GFPQPILSED GSRIYGGGRD240
 YSLDEFEANK ILHQHLGAPE ERLALHILRT QGLVPEHVET RTLHSTFQPN ISQGLQMWV300
 50 DVFPKSLGPP GPPFNITPRK AKKYYLRVII WNTKDVLDE KSITGEEMSD IYVKGWIPGN360
 EENKQKTDVH YRSLDGEENF NWRVFPFDY LPAEQLCIVA KKEHFWSIDQ TEFRIPPRLI420
 IQIWDNDKFS LDDYLGFELE DLRHTIIPAK SPEKCRLOMI PDLKAMNPLK AKTASLFEQK480
 SMKGGWPCYA EKDGARVMAG KVENTLEILN EKEADERPAG KGRDEFNMNP KLDLPNRPET540

SFLWFTNPCK TMKFIVWRRF KWVIIGLLFL LILLFVAVL LYSLPNYLSM KIVKPNV 597

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 289

- 5 (A) LÄNGE: 120 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 289:

20

DQHSCFKMSP DSKASHNPSF PKMGVESDME DETTAWMNLK PTKSCTSTSG PLKSGLLFTS 60
 SGLRGWSLST WKQGLCTAPS SPTFPRENFR CGWMFSPRVW GHQALLSTSH PGKPRNTTCV120

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 290

25

- (A) LÄNGE: 289 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 290:

ETQVVIQRKL VIVPYLNDQP GWDSKFRNVN TPEMLFFRND TELFGWKVVK RENKSPVKIP 60
 FTIQRSVMDI CFLFVFFIAR NPAFDVDVTH FLSCDAFLVQ DNVLGVPDDH TQVVFLGFPG120
 CDVERRAWWP QTLGENIHPH LKFSLGNVGL EGAVQSPCFH VLRDQPLSPE DVKSKPLFRG180
 45 PEVLVQDFVG FKFIQAVVSS SISDSTPIFG KDGLWEAFES GDILKQLCWS QLISPGIDSR240
 NTVLLWYAAV GPKAGKESVF QINNCFSYFF IPGKGVIIID RNFQVFFLR 289

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 291

- 50 (A) LÄNGE: 201 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 291:

15 GTGDGSKEIN IVWGIQVPIF HNGPWVSTNH PVARFPRTS LASEGIIVPS TSTIRGMGVW 60
RASCGDCRAD STSSIAQDRG PGLTIGHQAL GSLVWVGESW GQTWGEYLGG PRWLGWLDLR120
QSWALSISEE VVKKRDFLFH FLNFLCMLVE DMFAHKLRTL EFLATERTQP LILAQFLRVG180
GDELLHFLW VFAPHLGLF L 201

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 292

(A) LÄNGE: 171 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 292:

SVIFFKIGFC EGRLVGRGGV PGSEAQSCVL SSSVWISLAA SLMSLRTICL CWVMPLMLRT 60
RRVRSLETPG LSSHRRRMF CRFQQISLML TLRKVTQPR RKNLLSGWGS ESATRIKPGY120
40 LLQREMISAR EMLGAMLRMK REQVLCSGRG LHSSPAASLG FSHSSSLGFS F 171

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 293

(A) LÄNGE: 485 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 293:

10 EKEKPKEEEW EKPKDAAGLE CKPRPLHKTC SLFMRNIAPN ISRAEIISLC KRYPGFMRVA 60
LSEPQPERRF FRRGWVTFDR SVNKEICWN LQNI RLRECE LSPGVNRDLT RRVNRINGIT120
QHKQIVRNDI KLA AKLIHTL DDRTQLWASE PGTPPLPTSL PSQNPILKNI TDYLIEEVS A180
EEEELLGSSG GAPPEEPPKE GNPAEINVER DEKLIKVL DK LLLYL RIVHS LDYYNTCEYP240
NEDEMPNRCG IIHVRGPMPP NRISHGEVLE WQKTFEEKLT PLLSVRESLS EEEAQKMGRK300
DPEQEVEKFV TSNTQELGKD KWLCP LSGKK FKGPEFVRKH IFNKHAEKIE EVKKEVAFFN360
NFLTDAKRPA LPEIKPAQPP GPAQILPPGL TPGLPYPHQT PQGLMPYGQP RPPILGYGAG420
15 AVRPVPTGG PYPHAPYGA GRGNYDAFRG QGGYPGKPRN RMVRGDPRAI VEYRDL DAPD480
DVDF F 485

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 294

20 (A) LÄNGE: 368 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 294:

ESSGFQAIGR AEDDARSCWV KTSESTRPYQ LLRRRRPTLI TYRIFRHH RH KDTSSGDHLT 60
CRLDPQAKDL KDGQEEATK RQEAPVDPRP EGDPORTVIS WRGAVIEPEQ GTELPSRRAE120
VPTKPPLPPA RTQGTPVHLN YRQKGVIDVF LHAWKGYRKF AWGHDELKPV SRSFSEWFGL180
GLTLIDALDT MWILGLRKEF EEARKWVSKK LHFEKDVDVN LFESTIRILG GLLSAYHLSG240
40 DSLFLRKAED FGNRLMPAFR TPSKIPYSDV NIGTGVAHPP RWTSDSTVAE VTSIQLEFRE300
LSRLTGDKKF QEAVEKVTQH IHGLSGKKDG LVPMFINTHS GPVSPTWGVF HGGAPGADSL360
LLSYL FER 368

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 295

45

(A) LÄNGE: 94 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 295:

10 ALRSPPRMRI VLSNRLTSTS FSKCNFFDTH FLASSNSFLR PKIHMVSSAS ISVRPRPNHS60
LKDLDTGFSS SWPHANLRYP FHACRKTSIT PFWR 94

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 296

15 (A) LÄNGE: 94 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 296:

30 LLRHPLPGFL KFFPQTQDPH GVQRVDQCET EAKPLTEGPG HRLQLVMAPC KLAVSFPCMQ60
EDVNHALLAI VQMHWCALCP GRWQGRLGGH FCSS 94

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 297

35

(A) LÄNGE: 146 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 297:

SGPLLAGPAT LTGRMSEVRL PPLRALDDFV LGSARLAAPD PCDPQRWCHR VINNLLYYQT 60

NYLLCFGIGL ALAGYVRPLH TLLSALVVAV ALGVLVWAAE TRALCAAAAA ATLQPAWPQC120
LPSASWCSGS RAALAPSCSA SPGRCF 146

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 298

5

- (A) LÄNGE: 152 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 298:

TQRHSHPPFS MLIPKLGPGA RHSQILNPGP KLFQTPPYLP TQVKTLPNLE LRTQVFHAPV 60
WMESGILTVG PLVQVIPTLT SPICLPPALL RHFAPHPNVP HHRQPRGEVG TGLSREWGVY120
VSVAAATIKPV ASLMPKKKKK STGRKYSSSS RP 152

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 299

- (A) LÄNGE: 172 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

40 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 299:

RTTTTTIFAA GRLFFFFWHE RCNRLYCCSN TNIYAPFPPE ACPHLTPWLS MVWNIGVRGK 60
45 MPKQSWREAN GTGEGRDHLD QGSNSQDTRL HPHRGMEHLG SEFKIWQCLD LGWKVWGGL120
KLWSRVQDLR VPCSRPQFGD EHGEWGMGVS LGSQFEIGHG CSGKLPQFWG WM 172

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 300

- (A) LÄNGE: 178 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein

50

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 300:

15 WFWRESYWQT IKVDLQVEHP YQFLLYAKQ LKGDKNKIQK LVQMAWTFVN DSLCTTSLQ 60
WEPEIIAVAV MYLAGRLCKF EIQEWTSKPM YRRWWEQFVQ DVPVDVLEDI CHQILDLYSQ120
GKQQMPHHTP HQLQQPPSPE PPTPLPGPCG CWASHLKEGK VVQPEPVEQC PVWPPKPK 178

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 301

(A) LÄNGE: 113 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 301:

40 CISQDVCANL KYKNGPPNPC IGDGGSSLEK MSRSTFWKTS ATKSWIFTHK ENNRCLITPP 60
ISCNSPHLLS LPPRCLGPVV AGPPTSRRGR LYSPNPWSNA LSGLQNQNKT GSL 113

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 302

(A) LÄNGE: 90 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 302:

GGRPSNHRAQ AAGWEAQEMG AVAADGGCDE ASVVFLVSKD PGFGGRCLPK RRPQHLEQTA60
PTISYTWVWR SILVFQICTN VLRDTSLLLL 90

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 303

(A) LÄNGE: 158 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 303:

TQVMVQSMFA PTDTSDMEAV WKEAKPEDLM DSKLRCVFEL PAENDKPHDV EINKIISTTA 60
SKTETPIVSK SLSSSLDDTE VKKVMEECKR LQGEVQRLRE ENKQFKEEDG LRMKRTVQSN120
SPISALAPTG KEEGLSTRLL ALVVLFFFIVG VIIGKIAL 158

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 304

(A) LÄNGE: 112 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 304:

50

VNKALPFISK ALGQSVNTRL SLMTSTSDAA TVQFLWASDS VHQSQGADGL DRTEDESSL 60
GREWATWGLL CGADRTPOHA GLQLPKGQHQ QARKGVILRE VIQHHVPRPT NV 112

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 305

- 5 (A) LÄNGE: 105 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 305:

20 FKGGKTCESMSS YINFFLHMVM INLNPMIWWI HQSNLPSCAC YLYKAIFPII TPTIKNKTTR 60
AKSRVLRPSS FPVGANAEMG LLLCTVFLIR SPSSSLNCLF SSRSL 105

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 306

- 25 (A) LÄNGE: 126 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 306:

40 RPPQRTLRLHS AQLGAAPAAL PQPLWELPRA HGSQRQPGPG EAADHAEQER EEAERPGSS 60
PEEGQEGSGA FGGHTGHRAC ARCLGRGALG GRIPCGLLCQ LFRRDGC PAD SEVQH HHHQH120
WQQLLP 126

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 307

- 50 (A) LÄNGE: 240 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 307:

NVGRCEAQA RAGAASLNAS LDGLHNALFA TQRSLEQHQR LFHSLFGNFQ GLMEANVSLD 60
LGKLQTMISR KGKKQQKDLE APRKRDKEA EPLVDIRVTG PVPALGAAL WEAGSPVAFY120
ASFSEGTAAL QTVKFNTTYI NIGSSYFPEH GYFRAPERGV YLFAVSVEFG PGPQTGQLVF180
15 GGHRTPVCT TGQSGSTAT VFAMAEQKG ERVWFELTQG SITKRSLSGT AFGGFLMFKT240

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 308

20

(A) LÄNGE: 123 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 308:

35 KAGIEGHRGS CLPERRAQT WHRCPDPYVH QRLRFLLVPL PGSFQVFLLL LPFPAQHGLQ 60
LPQVQADVGF HEPLEVPKEA VEEPLVLLQA ALSGEECVVE AVKGGVEGGG PGPGLGLAAP120
PDI 123

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 309

(A) LÄNGE: 84 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

45

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 309:

5

PTTTLVIPLF FLSSRKRRKQK DSFQTALCSL HCSFPPQAAS TGKAHVVTYP FSEVLLFHGV60
TLLSESKFRK QVLPLADKNH TSFL 84

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 310

(A) LÄNGE: 128 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 310:

30

CDRVPLFLSY WCAVADSWLT ASSVSHVKG I LSPQPTCAP PGPANCFNF FFFFFFFLVET 60
GSPSVAQDGL ELLGSSNPPT LASQSAEITG MSHYAQPEQD DLNLINSTPK QQLSLSQGCQ120
GGLCEGKD 128

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 311

(A) LÄNGE: 96 Aminosäuren

35

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

45

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 311:

50

WVAGRRHLLS VQTKSLQVLG LDLCVTPESQ CIRYLYKKLV WFLSAKGKTC FLNLLSDNKV60
TPWKRRITSEK YGVTTWAFPV LAACFGKLQC RLQRAV 96

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 312

- 5 (A) LÄNGE: 57 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 312:

20 ISTSIAALWL PGGQDAGGGA LWPLCGSRGL CVSDRFPGNF RARLTSWKFK YSIALEF 57

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 313

- 25 (A) LÄNGE: 52 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

35 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 313:

40 SAHQLOHCGY QGVRMRAVEP SGLCVVAEDS VSATVFRETS GRDSHLGNSN TQ 52

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 314

- 45 (A) LÄNGE: 43 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 314:

10 NSRAIEYLNQ QDVSLARKFP GKRLTQSPR LPHKGQRAPP PAS 43

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 315

(A) LÄNGE: 247 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

15 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 315:

30 GSSGSRFEVV VVLEERRGGR GRGMGRGDGF DSRGKREFDR HSGSDRSGLK HEDKRGSGS 60
HNWGTVKDEL TESP KYIQKQ ISYNYSDDLQ SNVTEETPEG EEHHPVADTE NKENEVEEVK120
EEGPKEMTLD EWKAIQNKDR AKVEFNIRKP NEGADGQWKK GFVLHKSSE EAAHEDSVMD180
HHERKPANDI TSQLEINFGD LGRPGRGGR GRGGRGRGR PNRGSRTDKS SASAPDVDDP240
EAFPALA 247

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 316

(A) LÄNGE: 75 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

40 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 316:

FMKNKSLPL PISTFIWFSD IKFYFCPVLI LNSLPLIQSH LFWTLLFYLF NFILLIFSVC60
 HWMFFTFRC FLSHI 75

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 317

- 5 (A) LÄNGE: 78 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 317:

20 SFGILKHAKA LNRRVHKGTR VVLWHPVKPE LGMPLGHPHQ EQKHLTCRSC CHGLGAHHAH60
 VHLVLPCHRV LGGQGLQN 78

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 318

- 25 (A) LÄNGE: 235 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 318:

40 LHLGAQRALA PGLFRLQGML RALLGRQLFR ARGPPVVREP LPRTTRLAVR HVWPPCDRPL 60
 RVGPGSPLPP GPLMHMLPA PAHQGVLPGA RRQALLPALL PEALRLTARS ARPLPRRPRP120
 PGKAGSSRPR GLALRAGGPT HWRAPPLRYE ESSGVKFRNG PARPKPTRPQ SGLHTDKNSR180
 45 AGLHSIPTLE GAPLLGEGPC NSSESEARPG RPCSLHPHCS VHFFYLHKHT HSTSK 235

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 319

- 50 (A) LÄNGE: 478 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 319:

GSRRPPCSPR ATGPRPAMED LDALLSDLET TTSHMPRSGA PKERPAEPLT PPSYGHQPQ 60
TGSGESSGAS GDKDHLSTV CKPRSPKPAA PAAPPFSSSS GVLGTGLCEL DRLLQELNAT120
15 QFNITDEIMS QFPSSKVASG EQKEDQSEDK KRPSLPSSPS PGLPKASATS ATLELDRLMA180
SLSDFRVQNH LPASGPTQPP VVSSTNEGSP SPPEPTGKGS LDTMLGLLQS DLSRRGVPTQ240
AKGLCGSCNK PIAGQVVTAL GRAWHPEHFV CGGCSTALGG SSFFEKDGAP FCPECYFERF300
SPRCGFCNQF IRHKMVTALG THWHPEHFCC VSCGEFPGDE GFHEREGRPY CRRDFLQLFA360
PRCQGCQGPI LDNYISALSA LWHPDCEVCR ECFAPFSGGS FFEHEGRPLC ENHFHARRGS420
20 LCATCGLPVT GRCVSALGRR FHPDHFTCTF CLRPLTKGSF QERAGKPYCQ PCFLKLFG 478

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 320

(A) LÄNGE: 285 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 320:

EQGLGVWRTR LFREGAASGG EGEPSGLSAE ELQEAGLAVG LAGALLEGPL GERAQAEAC 60
40 EVVRVEAATQ GRHAAAGHRE ATRGAQRAAS CVEVLAQRA ALVLEKAASR EGREAFPAD120
TVRVPERAER RDVVIQDQAL AALARGEQL QEVPAAVGAA LALVETLISE GLPATDAAEM180
LWVPVSAQGG HHLVSDGLVA EATSWREALK VALGAEGGSI LLEEAASQG GGTASANEVL240
GVPGAQSRH HLPSNRFIAG ATEAFGLGNN TPAAEVGLQQ PQHGV 285

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 321

(A) LÄNGE: 99 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 321:

10 GLHLQPLLWR QSTEEEVREE GQALTEPKSC GAQGGAQHRG LTPCPTGNGL GLAQP KIPAL60
SNSWRVDSVL ACLVSSDIFH TVEQNHQPCT DVTLCRKR 99

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 322

(A) LÄNGE: 99 Aminosäuren

15 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

25 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 322:

30 ETQSSQRLTC PRSLGLDLSL RLRLQNPHSI CYISQGWGQG SCEQKEYQL LKGLGFVGRA60
RQGQRGIQNK GASTSAWDGP IHSGRGCGVS PVLNRHLAS 99

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 323

(A) LÄNGE: 83 Aminosäuren

35 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

45 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 323:

50 SNPKAPVSMW VKGPTMGTYT QEDESSLASE SDCLPQTPPQ NRLLSHLPLH SDKTQAHIPG60
PGVFACICID GNAGPAKAFF YIK 83

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 324

- 5 (A) LÄNGE: 111 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15 (A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 324:

20 VFPTVLRGVL VPSSVTSKPG LIVPIGDEGG MRRSHLQLLS VERTSGTEKN RGP HGSLEGR 60
GTRVGELIAE RRDVQRPSAP LSWDVNRIFP STPSLPPVLP LFFFPSIKRC I 111

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 325

- 25 (A) LÄNGE: 272 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

35 (A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 325:

40 SSRASGITRA ARPCPAKNEG PSKAFVNCDE NSRLVSLTLN LVTRADEGWY WCGVKQGHFY 60
GETAAVYVAV EERKAAGSRD VSLAKADAAP DEKVLDSGFR ELENKAIQDP RLFAEEKAVA120
DTRDQADGSR ASVDSGSSEE QGGSSRALVS TLVPLGLVLA VGAVAVGVAR ARHRKNVDRV180
SIRSYRTDIS MSDFENSREF GANDNMGASS ITQETSLGGK EEFVATTEST TETKEPKKAK240
RSSKEEAEMA YKDFLLQSST VAAEAQDGPQ EA 272

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 326

- 50 (A) LÄNGE: 241 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 326:

TLVFGRLRTK PFRIPGFLQR KRRWQIQEIK PMGAEHLWIP AALRNKVEAP ERWSPPWCPW 60
AWCWQWEPWL WGWPEPGTGR TSTEFQSEAT GQTLACQTSR TPGNLEPMTT WEPLRSLRRH120
PSEEKKSLLP PLRAPQRPN PRRQKGHPRR KPRWPTKTSC SSPAPWPPRP RTAPRKPRRC180
15 RRLLPAPMTI TFRIMSILGP SAPGDPTPCS NTCLGFSYCP QRRAGPLLSG IKAWPNCYW240
G 241

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 327

(A) LÄNGE: 121 Aminosäuren

20

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 327:

35

AVVRVTWYKG EGITLPPVLT PALVRGESIP IRLFLAGYEL TPTMRDINKK FSVRYYLNLV 60
LIDEEERRYF KQQEVVLWRK GDIVRKSMH QAAIASQRFE GTTSLGEVRT PSQSDNNCR120
Q 121

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 328

40

(A) LÄNGE: 140 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 328:

5 GETRVHSQQG GGIKAPSWDW FFREPGPLVK GLLGHVKQYL EQPRPWGYQV ERREGRRLLPC 60
THLPWWAGFS LLGSTLPPSV HDTDFRASPC PRPSYRLLFQ DITDNPERME KGGAWVPAVS120
GQKEVACGNL RSPHPRFPKR 140

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 329

10 (A) LÄNGE: 127 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 329:

25 VFPCHLVGAG PTPATTSGTA KGSTRCDYPG PCWQLRIPGT CSDPVSGSSE SQEPRMRALC 60
SPSSKTQGSP PRKGAHVQR GWLPGCYLFY PTSAAESQGE TASHPKPLGF SREKNLSQKH120
DLFSGCK 127

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 330

30 (A) LÄNGE: 418 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 330:

45 GSTSTKNTKI SQACGVIVEL IKSKKMAGGA VLLAGPPGTG KTALALAIQ ELGSKVPFCP 60
MVGSEVYSTE IKKTEVLMEN FRAIGLRIK ETKEVYEGER TELTPCETEN PMGGYGKTIS120
HVIIGLKTAK GTKQLKLDPS IFESLQKERV EAGDVIYIEA NSGAVKRQGR CDTYATEFDL180
50 EAEEYVPLPK GDVHKKKEII QDVTLDLDV ANARPQGGQD ILSMMGQLMK PKKTEITDKL240
RGEINKVVNK YIDQGIAELV PGVLFDVDEVH MLDIECFYTL HRALESSIAP IVIFASNRGN300
CVIRGTEDIT SPHGIPLDLL DRVMIIRTML YTPQEMKQII KIRAQTEGIN ISEEALNHLG360

EIGTKTTLRY SVQLLTPANL LAKINGKDSI EKEHVEEISE LFYDAKSSAK ILGLTRQG 418

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 331

- 5 (A) LÄNGE: 142 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 331:

20

VPQCGLGANL PQVVQCLLTD VDSFRLGTD F NDLEHFLWSI QHGPDYHHSV QKVKRDAVRG 60
CDVLSASDDT VASVGCKDDD GSDRRLOGAV QVGEALNVQH VDLINKQHTR DQLSNALVDV120
LVHHLINLPS KFCVDFCLLW LH 142

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 332

25

- (A) LÄNGE: 124 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 332:

LAHHGQDILS PLGPRISHIQ VMQGHILDDF FLFVHIPFWQ GDILFSFKVE FCGIGITPAL 60
PLHGPTVGFN VNHISFYSL FLQTFKNAGV QFQLFGSFGC FESYDHMANG FAISSHGILC120
LTRS 124

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 333

- 50 (A) LÄNGE: 176 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 333:

QAMGKKQKNK SEDSTKDDID LDALAAEIEG AGAAKEQEPQ KSKGKKKKKEK KKQDFDEDDI 60
LKELEELSLE AQGIKADRET VAVKPTENNE EEFTSKDKKK KGQKGKKQSF DDNDSEELED120
KDSKSKKTAK PKVEMYSGSL TNFLKKLKGG LKNQIRSGMG QRRMRITVKK LKSVQE 176

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 334

(A) LÄNGE: 193 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

20

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 334:

RFKIKKDCKT ESGNVLWEFN KLPKKAKGKA QKSNKKWDGS EEDEDNSKKI KERSRINSSG 60
ESGDESDEFL QSRKGQKKNQ KNKPGPNIES GNEDDDASFK IKTVAQKKAE KKERERKKRD120
EEKAKLRKLK EKEELETGKK DQSKQKESQR KFEEETVKSK VTVDTGVIPA SEEKAETPTA180
AEDDNEGDKK NER 193

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 335

40

(A) LÄNGE: 118 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 335:

5 ETVAFARPPF PSLFSFPPLS SFLFLIFRS FCLLHCHLLQ LWESLLSLQR QELLQYQQL 60
WILQFLLQIS FEIPFVYSDP FYLFLTLFL SASAVSLFLH LAFFSRAPSF LPSFGPLS 118

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 336

10 (A) LÄNGE: 230 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

20 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 336:

25 LQRLPPGAE RPAHLCTGPG GEDGAGGRVP GTRPQRPPAL QRAEDGRQGG LRVAGTAGPP 60
PGVPLRPGQG GSGHQEQGAS HPGSLDQGLT GAKRPQGCPA CGRRPPCVGG VPGSAHRPQP120
EGAALRRGRS RLQQAGPCCC RVLWLRCHP AGLPRRPPAA DPGARAAAGG RHVLCRSPLH180
PGLRPPLPQW GLLRPEGGCL CVPVSRGILR TALREGAGGE VSGGRGYLGL 230

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 337

30 (A) LÄNGE: 416 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

40 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 337:

45 QDGSPPFLAD FNGFSHLELR GLHTFARDLG EKMALEVFL ARGPSGLLLY NGQKTDGKGD 60
FVSLALRRR LEFRYDLGKG AAVIRSREPV TLGAWTRVSL ERNGRKGALR VGDGPRVLGE120
SPVPHTVLNL KEPLYVGGAP DFSKLARAAA VSSGFDGAIQ LVSLGGRQLL TPEHVLQVD180
50 VTSFAGHPCT RASGHPCLNG ASCVPREAY VCLCPGGFSG PHCEKGLVEK SAGDVTTLAF240
DGRTFVEYLN AVTESEKALQ SNHFELSLRT EATQGLVLWS GKATERADYV ALAIVDGHLLQ300
LSYNLGSQPV VLRSTVPVNT NRWLRVVAHR EQREGSLQVG NEAPVTGSSP LGATQLDQTDG360

ALWLGLPEL PVGPALPKAY GTGFVGLRD VVGRHPLHL LEDAVTKPEL RPCPTP 416

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 338

- 5 (A) LÄNGE: 241 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 338:

20 NQHMKNNTAMA RPRYPGRRQR STPSHSELLS IAPRRRAWGVA EGYGHVQGGW AGPAEQDQTQ 60
IGPGLASAPQ QPGLAQAAARE QRRVPSSNI VWKSQYWRRR PRQGPEHTQE GAAQIGAWKG120
PVGSPGGRAP SDLSSPFLSG TRVPPDGARV IQEPGLLPGG DTVGQAQCKA GAQHLEAGVC180
VLRLPSTPSP PRCHLACPSL STRSVCSTAA WTEGRPGQQS LRPTLRQENH IKKRQVYKNR240
K 241

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 339

- 30 (A) LÄNGE: 79 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 339:

LLQPQGEPP GNPPMSTRGQ EATVLRTPEN LAGELFLVHP SLQLYLCPAD NVKDWSKVVL60
AYEPVWAIGT GKTATPQQG 79

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 340

- 50 (A) LÄNGE: 62 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 340:

FPVGVLSQSQ YQWPTQHRP GRPCSSPSRY LQGRDTAGGK GEQERALQPG SPEYEERWPP60
AP 62

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 341

15

(A) LÄNGE: 80 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 341:

SLLGCCSLAS TNGPHRLIGQ DDLAPVLHVI CRAEIQLEGR VNKKESSQV LRSTKNGGLL60
PPSGHWGISR WHLPLGLEKS 80

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 345

(A) LÄNGE: 257 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

40

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 345:

5 KNLSQLEPRE NAKKEVRKER GMGWVAAGAA QLLSLLSTST ASDSSVISSS ACTSGLLPRR 60
RSPASPRSAH LHHLGGLHF HLALADLLDV EGEGLVDR GLGARVHHV GREGFAQLVP120
RRLQFLAPLG GHQARAQLVH ALLQGVPRLL QVFLGLEARL LQVLAGTHLG LLHLLGEG180
LEVVAHQAL RLIRSARDSS ITSSTSTASS DESSSAAASS SGRSPSPSS PSFSGSASDS240
FSDLLMLSLA GSFTSSW 257

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 346

- 10 (A) LÄNGE: 237 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 346:

25 KSRRCQRRR ARSWARASGP RRTQRRWSFR RTRRWRLRRL LRSPAQSVSS AGPAARGRLQ 60
EGLLQGEDGE DQGAYPREPG EDAPQDQKPK GEDAAHPGEA HEQAGHAPGA RRAARETEDV120
AGQVAQILHA RPRGVRALQD RGLQGATLHL PRQEDPRGPG GSAQGHDRDG GGRSGGRPAT180
CGAGAAPTCT RCWRSPRSRT PCWWTRATAT ERPLPPTPF LAPSELPLSH SLSARAG 237

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 347

- 30 (A) LÄNGE: 263 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 40 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 347:

50 GRLPGYPDRR GPGASSAGAQ AAEEPSGAGS EELIKSDQVN GVLVLSLLDK IIGAVDQIQL 60
TQAQLEERQA EMGAVQSIQ GELSKLGKAH ATTSNTVSKL LEKVRKVSVN VKTVRGSRLR120
QAGQIKKLEV NEAELLRRRN FKVMYQDEV KLPKLSISK SLKESEALPE KEGEELGE180
RPEEDAAALE LSSDEAVEVE EVIEESRAER IKRRACGAWT TSRRSPRRR WRRPRCVPAR240
TWRRRASRPR KTWRRRGTPW RSA 263

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 348

- (A) LÄNGE: 106 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 348:

SSGSSRFGSS GSRRRYASLY FCCAIEDQDN ELITLEIIHR YVELLDKYFG SVCELDIIFN 60
FEKAYFILDE FLLGGEVQET SKKNVLKAIE QADLLQEEAE TPRSGS 106

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 349

- (A) LÄNGE: 78 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 349:

LFLMPQNKVR MVICQEFFIT VSYKKRVALF TVLCVKSLFK ARMFPLGYLL KLNLFCEPPL60
RSAAHFTAAS FLSMALPS 78

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 350

- (A) LÄNGE: 65 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 350:

TCLHGLYFHL YMLGWIKLCC DCDQHS GHVS TVLSHRQLVV INVQRTKKKK GAASLGGITG60
SGVKKR 65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 351

10

(A) LÄNGE: 196 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 351:

LPGLPLRQLG GVCHGHRPGL LLHQQHGGGA GAVQQPQREE EALHDPGQGS APAELCQFQQ 60
HVPFRFLQQP QAVQEGGGAG AGQGLVLWQP GAGLQGVQPG DDGAPDLQHG DAAGDSHHDD120
PAQELPAAEH RAQGPGGPRP ALRGGARSNC RVCLVQMCPE APEGSHQLMP ASDPQQGWFA180
30 AAQGEFVSD PGHHHH 196

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 352

35 (A) LÄNGE: 361 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 352:

50 SLASLSDSLG VSMATDQDS YSTSSTEEL EQFSSPSVKK KPSMILGKAR HRLSFASFSS 60
MFHAFLSNNR KLYKKVVELA QDKGSYFGSL VQDYKVYSLE MMARQTSSTE MLQEIRTMMT120
QLKSYLLQST ELKALVDPAL HSEEELEAIV ESALYKCVLK PLKEAINSCL HQIHSKDGSL180
QQLKENQLVI LATTTTDLGV TTSVPEVPM EKI LQKFTSM HKAYSPEKKI SILLKTCKLI240

YDSMALGNPG KPYGADDFLP VLMYVLARSN LTEMLLNVEY MMELMDPALQ LGEYSYLT300
 TYGALEHIKS YDKITVTRQL SVEVQDSIHR WERRRTLNKA RASRSSVQPL HLRVVPGARA360
 A 361

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 353

5

- (A) LÄNGE: 161 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 353:

VDGFLQGLQD TFFVQGRLYNC FELLGVOGG VHQGLELGAL QQVALELGHH GANLLQHLRA 60
 GGLARHHLQA VHLVVLHQAA KVRALVLRQL HHLVQLAVV GEESVEHAAE TGKAQPVPSL120
 AQDHGGLLLH AGAAELLQLL LRAAGGVGVV VGGHHRHPQA V 161

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 354

- (A) LÄNGE: 218 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 354:

SGRGPYVID VEQPFSCSTL DAVVNYFVSH TKKALVPFLL DEDYEKVLGY VEADKENGEN 60
 VWVAPSAPGP GPAPCTGGPK PLSPASSQDK LPPLPPLPNQ EENYVTPIGD GPAVDYENQD120
 VASSSWPVIL KPKKLPKPPA KLPKPPVGP KPEKVFNGGL GREASSVSA QPLLSPQAGL180
 GRHGRQSYRR SWEKRRGTGS MVSDTPGTSG LVPGRARW 218

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 355

- (A) LÄNGE: 253 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel

50

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 355:

15 AGEVDGLTQ ETPLKPVSQL PGPAGAPTGR RGQAEDPGSV MASALRPPRV PKPKGVLPSH 60
YYESFLEKKG PCDRDYKKFW AGLQGLTIYF YNSNRDFQHV EKLNLGAF EK LTDEIPWGSS120
RDPGTHFSLI LRNQEIKFKV ETLECREMWK GFILTVVELR VPTDLTLLPG HLYMMSEVLA180
KEEARALET PSCFLKVSRL EAQLLLERYP ECGNLLLRPS GDGADGVGHH AADAQRDARG240
PALQGEAGGA PST 253

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 356

20

(A) LÄNGE: 118 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

: (A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 356:

LTTASREVQE NGCSTSITYL GPLPLHLVMP DHVRPVVHLP RGDRHRRRRP RWAAAAGSRT 60
RGSAPGAVVP PAGSPSGSTR VSPVHGAPPL WPRLQTSCIG AQEAGSSRSG HGAPPLR 118

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 357

40

(A) LÄNGE: 223 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 357:

5

DHTCGCAGNL QEAIMLRSGV TSQGIHPGSP WCCTPTQAEI IVGDQSGAIH IWDLKTDHNE 60
QLIPEPEVSI TSAHIDPDAS YMAAVNSTGN CYVWNLTTGI GDEVTQLIPK TKIPAHTRYA120
LQCRFSPDST LLATCSADQT CKIWRTSNFS LMTLSIKSG NPGESSRGWM WGCAFSGDSQ180
YIVTASSDNL ARLWCVETGE IKREYGGHOK AVVCLAFNDS VLG 223

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 358

(A) LÄNGE: 193 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

15

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 358:

FFFFFFFFFP EQHLRVGLLL LPPRLSPRPG PAWPVPNPVG WPGHLHQGGQ LLAGTNKPFH 60
LAMVVVFSMD RGPETRAGRG REHTSLGVGT SLRPLSSFPG SADFPQCRL AQSRVQPG120
GRALSHLDKQ LGAESPRAAW PSRRRHRGP SGPVAQAGRG GSALTWVLHG SLQLPPPAPG180
SPEGSQASPA HCH 193

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 359

35

(A) LÄNGE: 251 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 359:

PGCCMGPPSSC HHLHQAVPRG HRLAQHTVIE GQADNSLLVA AILSLDLSSL HTPEPGQVVR 60

GSSDDVLGVP REGAAPHPA GGLPGVAALD AQLRHQGEVG RPPDLARLIS RAGGEERG120
 AEATLQGVAR VGRDLSLGDE LGHLVTNAPR QIPDIAVSGA IDSCHVAGVG IDVGGRDGD180
 GLRDQLLVVV CFQVPDVSF ALVTHDELCL GWGAAPGTPR VNALGGHTGP QHDCFLQVTS240
 TSACMILTSS C 251

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 360

- (A) LÄNGE: 50 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 360:

GNIPHSNLTD ASSPKRIKIV ACTDQENILG RMKYVCLFFF KNKGFWNSGE

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 361

- (A) LÄNGE: 59 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 361:

KGNQLYQGET RALGTMTRT AFILHSDCF QSSNDCQATS QMTDNFCCSF LYKMLRQQA 59

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 362

- (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 362:

10

DKILLSPRME CSGMIMAHCS LDLPGSHLSL PSSWDHRHVP PCPANFYFGR DKVSPCCLGR60
FQTPGLK 67

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 363

15 (A) LÄNGE: 84 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 363:

30

MRRCIHPSHS LSGSRQTQSP LSHSASNGST TKVAQQMRRA AAVVGESTEE TRLGRALGAA60
GFTNKQLSEN TAQGEEKRVM CLQN 84

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 364

35 (A) LÄNGE: 127 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 364:

50

CAYRTEKWKs HTVPCSPEVK LVLTLALRAF SSMEPLGLGR KARVSAHRHT SYLQDIDCLC 60

RGSTGQPTAN TAASLVASL LPVHPGDYSW INLPKNSAFI MSLFCSKTQN GSLPPRGRPS120
HHCIPNR 127

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 365

- 5 (A) LÄNGE: 114 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 365:

20

PYVHSPAWSP WGLVGRLVSV HTDIPATFRT LIVSAEVALG SQLQTQQPPW FQLLSFYIL 60
ETTPGLIFLR TQHSLCHFSV RPKMAPCHL EADQVITVSP TASTVCIWYI VQAP 114

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 366

- 25 (A) LÄNGE: 30 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 366:

40

NLHSNIKVFF YNVPKISGPQ QAVFVPVFFN

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 367

- 45 (A) LÄNGE: 44 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 367:

10 KECMSEAQFL ATTLTGNNC RGILQLHTQ HLLHTVFTDS NLVG

44

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 368

(A) LÄNGE: 34 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

15 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

25 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 368:

30 NVDFRCKNML EIRFSAIKPN TKKIKKNVCQ KPNS

34

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 369

(A) LÄNGE: 147 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

35 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 369:

50 QPSSLLHHCP YPYPPRHLLA TPLLKPQLLA GSPAHLIS FLASPQRASR QHGGPSQRAG 60
TLSCPLVELG GSSGGRLCH GSADPTNRAA EPQERGEPAAGDRRPLPEWG RVSLAESPGA120
EFRCPGSLGE WGEIPEKESS AHPKTEE 147

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 370

- (A) LÄNGE: 244 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 370:

NHSCWQGPQL MPASSPFLA PKGPPGNMGG PVREPALSA LWLSWGAALG AVACAMALLT 60
 QQTELQSLRR EVSRLQGTGG PSQNGEGYPW QSLPEQSSDA LEAWESGERS RKRRAVLTQK120
 QKNDSDVTEV MWQPALRRGR GLQAQGYGVR IQDAGVYLLY SQVLFQDVTF TMGQVVSREG180
 QGRQETLFRC IRSMPSPDR AYNSCYSAGV FHLHQGDILS VIIPRARA KL NLSPHGTFLG240
 FVKL 244

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 371

- (A) LÄNGE: 185 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 371:

TPASWIRTPY PWACRPLPRL RAGCHITSVT SESFFCFWVS TALLFRDLSP LSQASRASEL 60
 CSGRLCQGY P SPFWEGPPVP CSRLTSLRL CSSVCWVSRA MAQATAPRAA PQLNQRATES120
 AGSLTGPPML PGGPLGASKK GDEAGMSWGP CQQLWFQEWG SKEVAGRVRV RAVVQKGRRL180
 LRKEK 185

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 372

- (A) LÄNGE: 148 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 372:

VLYHCASRYR RRARQTCAPS YTRSADLPSR TPPVEDLLEL SRAFWVGADG GGRVRVLGGT 60
EAHEDGIPPE SMDHYADGHR PQHCHLGYRC HGRPQREGLP RCLKVPPVNL SSVSVFPFVT120
HRAGMEFNGC SGQTLVHGQT SLLWILQD 148

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 373

(A) LÄNGE: 135 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 373:

CLPVRRRLRQF EPKTPKVEAE FQSMGSRLSQ PFESYITAPP GTAAAPAKPA PPATPGAPTS 60
PAEHRLLKTC WSCRVLGSLG LMGAGGYVW VARKPMKMGY PPSPWTITQM VIGLSIATWG120
IVVMADPKGK AYRVV 135

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 374

(A) LÄNGE: 152 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

40

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 374:

5 IPCLLCVSRG KGQRQKTDLS VVLSNNAVGL PFGVCHDNDT PGGNAEADDH LRNGPWTRGV 60
SHLHGLPCHP VHVPARPHQP QPRKHATAPA GLQQAVFCWG GRRSGCSWGR RFGGRGGGTG120
RRSDIGLKRL GQPRPHALEL GLNLGRLWFK LA 152

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 375

10 (A) LÄNGE: 107 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

20 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 375:

25 GAELQLRSCA MAVSQEGLDG EVKAPDARIF IPCANTAFTP DLQVLQQVLS SFTVSSPLFH 60
SGFICYTPNL FSQSTPQSLP CWGQHRKRQN LRKEKGNLQP AMDLMIP 107

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 376

30 (A) LÄNGE: 113 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

40 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 376:

45 IPKNFYHNIH RSLYQLYLEV KQAWESIDCS ACPRVEALNK ATKTPFITDL TFQWPTGPGS 60
GQVGHQANHL FPCASLCKSW SVPLARPSLV QDLGPQTKES RGLGFPDPRM VSL 113

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 377

50 (A) LÄNGE: 124 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 377:

15 FGGPQAQPHS AVGSSLSSQI QVNLSFKNKG EPQTCSTTRD NNTPWQEDHV LDCLRTATVR 60
QEACCDPLCS MPIAQASSIP YHLPPMLFFG TTLAKREYG KQRPRALLQY RHFEVGRQHM120
LHSK 124

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 378

(A) LÄNGE: 66 Aminosäuren

20 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 378:

35 HKIILISRYR RNSVVTQAI LYTPMILQRK HPSLLLPLW QLKICSSSTL KRRKRNNLSL60
IPKLPH 66

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 379

(A) LÄNGE: 67 Aminosäuren

40 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

50 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 379:

5 PEKSPGAGPL LGGSPFFFFF YVSKSTEFIL KHSIKFESHE TKASLHYMLI LAKSKDQHTI60
DIHDNVV 67

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 380

10 (A) LÄNGE: 71 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

20 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 380:

25 FCIHFECLHV KTQLIYYFNI KPISFEAKLI LLEYKNGDS FFRMLKAQCL RFMLAALLAL60
LLPEMKTQON R 71

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 381

30 (A) LÄNGE: 107 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

40 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 381:

45 MDGAQGRLLP VSSRHSNLAL LKPTSRDLTA PPEGASLMTV GGITAPRDVQ VWNPRTWESV 60
TLRGKRD PAP VLQFRISWWG DDRGWLRWAL SNHGGPYKGR GVTRVCA 107

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 382

50 (A) LÄNGE: 143 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 382:

15 EVENHTNLLS YSSRGQESKM VFTRLKSCQC GFVSPRRLWG RIQCLFQLLQ GPPHRLAPGL 60
LAIFTARSFL ASCADPRDSP SLIRAPMITQ GPPQPSTVIS PPRNPCLKHR RRVPFATQGN120
TFPRPGVNL DISGGCYSTH RHQ 143

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 383

20 (A) LÄNGE: 86 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 383:

35 SHTHAQLSNH GGVQEPPLPL GVPKPWGS DS GALSRPGCKL KTFGGFQNAQ CLGHNLDQLN60
LNLQRDITAP QETPRGSQSA KPEETI 86

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 384

40 (A) LÄNGE: 123 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

50 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 384:

5 LEPIRFQQKV MEKETEKRIE EIEDAAFLAR EKAKQDAEYY AAHKYATSNK HKLTPEYLEL 60
KKYQAIASNS KIYFGSNIPN MFVDSSCALK YSDIRTGRES SLPSKEALEP SGENVIQNKE120
STG 123

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 385

10 (A) LÄNGE: 83 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 385:

25 DNSCVRYVEA QQKSHGTTSR NLSAVRPVSL MTVCWLCQTL YLGKESPD LN GSFPWALSYR60
GICNMEKIIF HFCSFNSINS LYK 83

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 386

30 (A) LÄNGE: 88 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 386:

45 CLTFQCRQYL SIRLSSFMS SLENTYRIL DKTVAEKTIC VSDSWLYPPI SGAPRTIAGE60
VEQMKCKFSV NLKSPYNDCS HLTPWATS 88

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 387

50 (A) LÄNGE: 105 Aminosäuren
(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 387:

15 TCEPFRNPQV GKDP T PSLRI ICLAITGSWK CFLGCVKINQ GGMKHIFLAT KLEFLREQMQ 60
RDLLLLLARIQ GPLWSHTEAV TGHKPRRARG SCAEAPGPLS GSFPS 105

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 388

(A) LÄNGE: 173 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 388:

35 AQESPWQLCR GARTSKRKLP KLGMEQHCNE MCPSSLFLP GAYKAQMYSD VWTNTKKKKK 60
KKKKKAFLSH RHKTQIIYCY EALFTNGQFL HFIAACERLP DGRPISLVLQ TSSQAIFYQK120
GENSCLSFLK NAFLYLSIRH YTSELYKRP G TMSLVDTFH CSVAPFLAWE ASA 173

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 389

(A) LÄNGE: 105 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 389:

5 TCEPFRNPQV GKDPTPSLRI ICLAITGSWK CFLGCVKINQ GGMKHIFLAT KLEFLREQMQ 60
RDLLLLARLQ GPLWSHTEAV TGHKPRRARG SCAEAPGPLS GSFPS 105

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 390

10 (A) LÄNGE: 262 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

20 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 390:

25 RCPRRGREMD SGCWLFGEF EDSVFEERPE RRSPPASYC AKLCEPQWY EETESSDDVE 60
VLTLKKFKGD LAYRRQEQK ALQYSSISE KLSSTNFAMK RDVQEQARC LAHLGRHMEA120
LEIAANLENK ATNTDHLTV LYLQLAICSS LQNEKTIFC LQKLISLHPF NPWNWGKLA180
AYLNLGPALS AALASSQKQH SFTSSDKTIK SFFPHSGKDC LLCFPETLPE SSLIFCGRDT240
30 RNGRKIGKFC KCANLVGERG TG 262

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 391

35 (A) LÄNGE: 66 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

45 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 391:

50 KPVPLSPTRL AHLQNFPIFL PFLVSLPQKI KELSGKVS GK HKRQSFPEGC KKDILVLSLE60
VKLCCF 66

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 392

- 5 (A) LÄNGE: 78 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 392:

QAGGRVPWLN GLCWLLYFPS LQQSPAPPYA YPGEPDTEPD LPGHPFSWQN WLMTIFQRYW60
NTPAVLSDTL VVCRPGLL 78

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 393

- (A) LÄNGE: 79 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
25 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 393:

TSLEGIDLQP SHLTIYTAAL KEKTPDFRRL SPRVSETADS RKVARGPRFV MRDNPGRGGD60
HRGLQAPGWM KEGRGWGL 79

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 394

- (A) LÄNGE: 72 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
45 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 394:

VTPPPPSQIS SFLPPSTAPF TKPPIPDPPS STPAPGDPYD HPRARGCPAL QIGAHGRPYG60
SPRSPRREER DV 72

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 395

10

(A) LÄNGE: 98 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 395:

PPPPPPKFHP SFRLQPPPLQ NPPSPDLLHP PRRLETPMIT PAPGVVPHYK SGPTGDLTG60
RGLRDARRET SEVWRLFLQG CCVDCEVGGL KINSLEGG 98

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 396

30

(A) LÄNGE: 80 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 396:

NWRQTVWQRV REGACAQESS RPASGCRFLR CAIGASAFSG DRGSAVATNT QPHTNHHTK60
WGQPHPVQAF TNVISVLFFYF 80

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 397

50

- (A) LÄNGE: 309 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 397:

20

YDNSSTCKKG KVFPGKISVT VSETFDPEEK HSMAYQDLHS EITSLFKDVF GTSVYGQTVI 60
LTVSTSLSPR SEMRADDKFV NVTIVTILAE TTSDNEKTVT EKINKAIRSS SSNFLNYDLT120
LRCDYYGCNQ TADDCLNGLA CDCKSDLQRP NPQSPFCVAS SLKCPDACNA QHKQCLIKKS180
GGAPECACVP GYQEDANGNC QKCAFGYSGL DCKDKFQLIL TIVGTIAGIV ILSMIIALIV240
TARSNNKTKH IEEENLIDED FQNLKLRSTG FTNLGAEGSV FPKVRITASR DSQMQNPYSR300
HSSMPRPDY 309

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 398

25

- (A) LÄNGE: 105 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 398:

40

QALIASTTFN VIDSYLASEL DSLQTFTTSI QRGWQMSDGR KTPEARSLLV LTSPSVFLNT 60
LNNSLYIGWG PWRVPHSYDS NSQGGACCCV LNRDFASGCL WRPLS 105

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 399

45

- (A) LÄNGE: 75 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 399:

10 CFSCFVICSV SLCTLNIYPL CDKKKKKKKK SRTSTFDFSQ PQPRKNGSWD KQLVFVSKTQ60
IGHINATAFR SFDFFD 75

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 400

(A) LÄNGE: 70 Aminosäuren

15 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

25 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 400:

30 RKKAVCFMND LICFLDNTEK NNVLSQAWWC VHLVPTIWEA EAGGSLEPRS LKLQCPVVAP60
VNNCTPAWAT 70

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 401

(A) LÄNGE: 69 Aminosäuren

35

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

45

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 401:

50

LVPQGSLLQT HPFVFFSFLE MRSRYVAQAG VQLFTGATTG HCSFKLLGSS DPPASASQIV60

GTRCTHHHA

69

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 402

- 5 (A) LÄNGE: 80 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 402:

20

PPLWVATVRN GCCHVEWTLF ANRSLPGFGN TSITSLLLFC RDKTFEVARP RTSKDSCYSA60
TVYTAHLSYS HVLSSLVRLF 80

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 403

- 25 (A) LÄNGE: 81 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 403:

40

LTNMSDHLFG WLLLEMAVVM FSGLCQPTDP CQVLEILLLP RCYFSAGIKL LRWPDPEHPR60
IPVTVLQYTL LIYPILMCFL L 81

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 404

45

- (A) LÄNGE: 75 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 404:

VSHYPHSVSK PPKHQTKQMV VALTHSRLTS EFKWENTPYT TVIIPLWTLN ITYFLKIILL60
KKKAHENRIN EQCIL 75

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 405

15

(A) LÄNGE: 328 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 405:

RYLNMGNLLK VLTCTDLEQG PNFFLDFENA QPTESEKEIY NQVNVVLKDA EGILEDLQSY 60
RGAGHEIREA IQHPADEKLQ EKAWGAVVPL VGKLKKFYEF SQRLEAALRG LLGALTSTPY120
SPTQHLEREQ ALAKQFAEIL HFTLRFDELK MTNPAIQNDF SYRRTLSRM RINNVPAEGE180
35 NEVNNELANR MSLFYAEATP MLKTLSDATT KFVSENKNLP IENTTDCLST MASVCRMVLE240
TPEYRSRFTN EETVSFCLRV MGVVILIYDH VHPVGAFKAT SKIDMKGCIK VLKDQPPNSV300
EGLLNALRYT TKHLNDETTTS KQIKSMLQ 328

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 406

40 (A) LÄNGE: 115 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 406:

5 YYIHLIINFL LRLCRLGIFK IKEKIWPLLK VCACQNEKKI PHVKVPSASA GDSVLVLLSS 60
 ARASRRSQSR SCALLDRRGG SSAALGGAPG PERGSGGSRT GSPSTPAPVA EPPQA 115

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 407

10 (A) LÄNGE: 100 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

 (iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 407:

25 QEPALALDAG WENMGYLLRL PEDLLMLLLT SEKIRKISLI CLLVEQLHPM PSLATSHLLD 60
 AGLPLVFRGQ LLCMTASPPR CLLHLLILHS PDYKFPSQTL 100

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 408

30 (A) LÄNGE: 116 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

 (iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 408:

45 TVLHSHLPSS CLPCLSTHSV KEPRGATSPR LCFPTACGMG VSSATAGLRC FHQPCRHLVL 60
 HEEQTLRGWS GMGRSPLGGQ ALVPSRFPSL APGVHTAQSA PGGWKPPCFR SLGSPP 116

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 409

50

 (A) LÄNGE: 132 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 409:

SPDERCSIRT SPPRACFASP RTVLRSEQEP LRPDFVSPPP AAWVCPVPPL ASAASISLVA 60
TWSFMKSRHL EAGREWGRP WEGRRWFQAG SRPWRLECTQ PSRHLVAGSH PALDHSGPHL120
RRVPALDQSR GH 132

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 410

- (A) LÄNGE: 142 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 410:

WKQRRPAVAL DTPMPQAVGK QSLGEVAPLG SLTLCVERQG RHEEGRCEWS TVHPGISQPE 60
SPPSLAAPEH SLWPTATEMS ACQDTWRRKK TRHQKKLPPQ EQIELLDQGH TRSGRHPAPC120
40 AQGKETQFNV WLLCSRETAT LP 142

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 411

- (A) LÄNGE: 244 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 411:

10 KRRGVRQFRW LVCTRRASPG AARSAPIAPA TGSGRRPNMD SAGQDINLNS PNKGLLSDSM 60
TDVPVDTGVA ARTPAVEGLT EAEEEEELRAE LTKVEEEIIVT LRQVLAAKER HCGELKRRLG120
LSTLGELKQN LSRSWHDVQV SSAYVKTSEK LGWEWNEKVTQ SDLYKKTQET LSQAGOKTSA180
ALSTVGS AIS RKLGD MRNSA TFKSFEDRVG TIKSKVVGDR ENGSDNLPSS AGSGDKPLSD240
PAPF 244

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 412

(A) LÄNGE: 149 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 412:

35 LGHFLIPLSK FLRSFHIGAR DLHVMPAPGQ VLFQLPQGGE AQPPELSTV PLLGCQDLAQ 60
SDNFLFHLGK LPELLLLSL CQTLNSRSPG SHTCVDNRNIR HGVRQQTFVR RIQVDILAGG120
VHVRAASGPC RGRYGSRAGG AGRSSPRTH 149

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 413

(A) LÄNGE: 143 Aminosäuren

40

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

50

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 413:

5 ALETCTSCQL LDRFCFSSPR VERPSLLLSS PQCLSLAART WRRVTISSST LVSSALSSSS 60
SASVRPSTAG VRAATPVSTG TSVMESDSRP LLGEFRLISW PAESMEGRRP DPVAGAMGAE120
RAAPGEARRV HTSQRNCLTP RRF 143

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 414

10 (A) LÄNGE: 105 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 414:

25 RGRGALWAA KELRRTKKLS DYVGKNEKTK IIAKIQQRGQ GAPAREPIIS SEEQKQLMLY 60
YHRRQEELKR LEENDDDAYL NSPWADNTAL KRHFHGVKDI KWRPR 105

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 415

30 (A) LÄNGE: 386 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 415:

45 AAELRDCGSR RISRSPSSNS HLSPRISLSG NLGPQTSRLG GPPSPSATWS VFWQLPRQQS 60
LPGRGSANLL PSVRSESAVL SDCVGGFPGR SSVRAWIAGP RCTPASPTRV LSLSWRLFNS120
ASLLLLATST SGSECRFPRS PRARERGIPD CERLLVRRSC WRSGDPRPAG PAGHAAGAFS180
50 TPQYLGGTAM VLLHVKRGDE SQFLLQAPGS TELEELTVQV ARVYNGRLKV QRLCSEMEEL240
AEHGIFLPPN MQGLTDDQIE ELKLDWEWE KCVPSGGAVF KKDDIGRRNG QAPNEKMKQV300
LKKTIEEAKA IISKQVEAG VCVTMEMVKD ALDQLRGAVM IVYPMGLPPY DPIRMEFENK360
EDLSGTQAGL NVIKEAEAHG GGQPRS 386

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 416

- (A) LÄNGE: 182 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
5 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 416:

20 GVEKAPAAWP AGPAGRGSPD RQQLRRTNSR SQSGIPRSLA RGERGKRHSL PEVDVAKSNS 60
EAELKSRQLK LRTRVGEAGV HRGPAIQART ELRPGKPPTQ SERTADSERT DGRRFADPLP120
GSDCCRGNCQ NTDQVAEGEG GPPNRLVWGP RFPLREIRGL RWELLDGERE IRREPQSRSS180
AA 182

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 417

25

- (A) LÄNGE: 467 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 417:

HTLSRWTKHS IPRWNDARTD DTWHSELMR KIGQARNTLM DMRLSQVSDS VSGQTVVDPK 60
GYLTDLNSMI PTHGGDINDI KKRLLLLKSV RETNPHHPPA WIASARLEEV TGKLQVARNL120
IMKGTEMCPK SEDVWLEAAR LQPGDTAKAV VAQAVRHLPQ SVRIYIRAAE LETDIRAKKR180
45 VLRKALEHVP NSVRLWKAHV ELEEPEDARI MLSRAVECCP TSVELWLALA RLETYENARK240
VLNKARENIP TDRHIWITAA KLEEANGNTQ MVEKIIDRAI TSLRANGVEI NREQWIQDAE300
ECDRAGSVAT CQAVMRAVIG IGIEEEDRKH TWMEDADSCV AHNALECARA IYAYALQVFP360
SKKSVWLRAA YFEKNHGTRE SLEALLQRAV AHCPKAEVLW LMGAKSKWLA GDVPAARSIL420
ALAFQANPNS EEIWLAAVKL ESENDEYERA RRLAKARTV PPPPGCS 467

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 418

(A) LÄNGE: 352 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

5 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 418:

20 TPGRWGHCPRL LGQQPPGPLV LIILGLQLHG CQPDLLTVGV GLEGQQQDAP CCRHIPCQPL 60
GLGAHEPQHL CFGAVGHSP L QECFQGLPSA MVLLVVRGAQ PHTLLAGEHL QGVGVDSCT120
LQGIVGYTTV SILHPGMLPI FLLNPNPNHG THDGLAGGHT PSPVTFLGIL DPLLTVDLHT180
VGPQRGDGVS DDLHHLRVP IGFLQLSSRD PDMSVCRNVL PRLVQDLGI FIGLQPCQSK240
PELHAGGAAL HSSAQHDSSI FRFFQLNGCF PQANRVWNML EGFKNP LLC TNVRFQLCGS300
DVNPDRWLWEM TDSLGYHGLG CVPRLQPGCF QPDIFTLGAH LRPLHDKVPS YL 352

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 419

(A) LÄNGE: 424 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

30 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 419:

45 PPGAPFFLFF FFLTRDIKTF NEGGHSSEPF HMRPNPAPRR PAMATAQSEG VLDAAGHQPK 60
DVPDLLLPVG DVLGHGAPQL PMPRLCTLTA LPHLLLLLLS AMLQLKLVEE GPGIPQVRVN120
LHSAVEPLPG LGDLPLTPKQ LGHGQEHMGV MLTLQGIHA LGPPLGPCLE EDGLRPQDTG180
VGALLQRLGH ECICDVLQPR TVLQPHGLQP QPRVLWVLQT RLFQNGPCSS KLPNLLLQPR240
EQKPQGGCVG TLLQPLVIGF PRLHHL LLL LDPLHHPQL GEVLIVPQGL LAQILGCPDV300
VLHPLQLHRL HEHPGGGTV RALASSLRAR SYSSFSDSSF TAASQISSLL GLAWKARARM360
LLAAGTSPAS HLDLAPMSHS TSALGQWATA LCRSASRDSR VPWFFSKYAA RSHTLFLLGN420
50 TCRA 424

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 420

- 5 (A) LÄNGE: 109 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH:

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 420:

GRTLPRGGGT VVVGHGLEG WWAALSGSGF PAVGFLFWLL RLVIYFLSLLP VTPGAPEYRL 60
FSPWAVSLSC FLTLLPGLLC VHLRLAWSKQ VRPLLLYSLV LFWHLVKLA 109

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 421

- 25 (A) LÄNGE: 177 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 421:

40 VSPSSSAAG TLFQGLCGAP DAPHFLSKIP GGRGGGRDPS LSALIYKDEK LTVTQDLVPN 60
DGKPHIVHFQ YEVEVKVSS WDAVLSSQSL FVEIPDGLLA DGSKEGLLAL LEFAEEKMKV120
NYVFICFRKG REDRAPLLKT FSFLGFEIVR PGHPCVPSRP DVMFMVYPLD QNLSDED 177

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 422

- 45 (A) LÄNGE: 114 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 422:

10 ASRPYILELR EKDPCLPLAH RGSSTVGEH QEHRGPGTM CLQHWSWGL LNGKILLSWV 60
FIILGGSAGG GRRRRGEWVG GRVGGCGVAR AGRSLWAKSL SGRGRVPSSC LSER 114

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 426

15 (A) LÄNGE: 50 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 426:

30 PFCSSLAKLQ GIWGMWDLQF PAPASALSQV LTPAPASAPA PGRAPAPAAA 50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 427

35 (A) LÄNGE: 114 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 427:

50 EDKMRPGLSF LLALLFFLGQ AAGDLGDVGP PIPSPGFSSF PGVDSSSSFS SSSRSGSSSS 60

RSLGSGGSVS QLFSNFTGSV DDRGTCQCSV SLPDNNFPVD RVERWNSQLI VISQ

114

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 428

5

- (A) LÄNGE: 113 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 428:

EITMSCEFQR STLSTGKLLS GRETEHWQVP RSSTEPVKLE NNWDTEPPLP KLRLELEPDL 60
ELELKLELES TPGKELKPGL GIGGPTSPKS PAAWPRKNRR ARRNERPGLI LSS 113

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 429

- (A) LÄNGE: 50 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 429:

AAAGAGARPG AGAEAGAGVN TWERAEAGAG NWRSHIPQIP CSLAKEEQKG

50

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 430

- (A) LÄNGE: 224 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 430:

QTQKVVTSP RITLHWLLPC AAHPPDLHKK QGENSGCAPA TAHSAPPGRS PPELRAGLQR 60
LARAVLPVSR FSAPQPPAAS FSGPRVAPSE ESGPGTSSNS GRLALPRLRS LCPLGVARPR120
CCRALARCCC SSSPRTAAWA RRAGSSSLAS PTSPTSDELQ AHFGQPAAVP RHRIPEHAAA180
15 QPAGPRDHEG GAGAGRRLLD AGHEAVPPGH QEVPVLALRP RLPR 224

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 431

20 (A) LÄNGE: 408 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 431:

35 PALLGLFFIG SSLAPPTLQI CIKKAKKTLA VPQQRLLLP RVGAPRSCAR ACSASPALSS 60
RCPASPRPSR RLPAFRGPES HPAKRAGPGQ ARTPAASPPF GSAPSAPSGS RAHDAAGPWL120
AAAALPRLAL LPGLGARALP LWPARLLLQA QNCKPIPANL QLCHGIEYQN MRLPNLLGHE180
TMKEVLEQAG AWIPLVMKQC HPDTKKFLCS LFAPVCLDDL DETIQPCHSL CVQVKDRCAP240
VMSAFGFPWP DMLECDRFPQ DNDLCIPLAS SDHLLPATEE APKVCEACKN KNDDNDIME300
40 TLCKNDFALK IKVKEITYIN RDTKIILETK SKTIYKLNGV SERDLKKSVL WLKDSLQCTC360
EEMNDINAPY LVMGQKQGE LVITSVKRWQ KGQREFKRIS RSIRKLQC 408

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 432

45 (A) LÄNGE: 323 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 432:

10 VISFTFIFSA KSFLQSVSIM SLSSSFLFLQ ASHTFGASSV AGRRWSLLAR GMQRSLSWGK 60
RSHSSMSGQG KPKADMTGAQ RSFTCTQSEW HGWMVSSRSS RQTGAKSEHR NFLVSGWHCF120
MTSGIQAPAC SSTSEFMVSWP SRLGSRMFY SMPWHSCRLA GMGLQFCACR RSRAGQRGRA180
RAPSPGSSAR RGRAAAASQG PAASWARDPE GAEGAEPGKG EAAGVRACPG PALFAGCDSDG240
PRKAGSRRLG RGEAGHREDS AGEALQARAQ LRGAPTRGSR MSRCWGTARV FLAFFMQIWR300
VGGAREEPMK GNPRRAGHYF LGL 323

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 433

(A) LÄNGE: 333 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 433:

35 RGRTWELFLA GRRVLVTGAG KGIGRGTVQA LHATGARVVA VSRTQADLDS LVRECPGIEP 60
VCVDLGDWEA TERALGSVGP VDLRGDCADM ELFLAGRRVL VTGAGKGIGR GTVQALHATG120
ARVVAVSRTQ ADLDSLVRER PGIEPVCVDL GDWEATERAL GSVGPVDLLV NNAAVALLQP180
FLEVTKAEFD RSFEVNLRAV IQVSQIVARG LIARGVPGAI VNVSSQCSQR AVTNHVSVCY240
TKGALDMLTK VMALELGPHK IRVNAVNPV VMTSMGQATW SDPHKAKTML NRIPLGKFAE300
VEHVVNAILF LLSDRSGMTT GSTLPVEGGF WAC 333

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 434

(A) LÄNGE: 210 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 434:

5

APGHNLRHLD DRTQVHLKGS VKGLLGDLQE GLQQGDSGVV HQQVHGAHAA QRPLGGLPVT 60
QVHAHGFYPR ALADKAVKIR LSPAHHHPR ARRQRLDRA APYTFACPGD QHPAAREEQL120
HVGAVSAQVH GAHAAQRPLG GLPVTQVHAH GFYPRALADK AVKIRLSPAH SHHPRARRVQ180
RLDRAAPYTF ACPGDQHPAA REEQLPCSPT 210

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 435

(A) LÄNGE: 132 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

15

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 435:

FFFFFFFFFL GSRIRFIGGI GGRMSTAWGL RCVEGAQQAQ KPPSTGKVEP VVMPLRSLSR 60
30 KRMAFTTCST SANLPSGIRE SIVLALWGS LQVAPMDVIT TVGFTAFTRI LWGPSSRAIT120
LVMSRAPLV EQ 132

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 436

35

(A) LÄNGE: 94 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 436:

50

KAKSWVPSDF RFQELPENTR SQRVIFWSLF CRDSWEYGHP APRCGNESSR SGEAALADVQ60
LAAPVSNQLH PDGVEDRGVG GLLPELHAE PYLV 94

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 437

- 5 (A) LÄNGE: 70 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 437:

20 FSGVCFAGIA GSMATLLHDA VMNPAEVVKQ RLQMYNSQHR SAISCIRTVW RTEGLGAFYR60
SYTTPSPISC 70

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 438

- 25 (A) LÄNGE: 98 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 438:

40 KAPNPSVLHT VRMQLIADRC CELYICKRCF TTSAGFITAS WSRVAILPAI PAKQTPENYP60
LRSGVLRKFL EPKIRRNPGI SFLRSKMYQ SAQVSTDS 98

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 439

- 45 (A) LÄNGE: 270 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear
- 50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 439:

RSVVRRLCKM AAEPPQQQKQ EPLGSDSEGV NCLAYDEAIM AQQDRIQQEI AVQNPLVSR 60
LELSVLYKEY AEDDNIYQQK IKDLHKKYSY IRKTRPDGNC FYRAFGFSL EALLDDSKEL120
QRFKAVSAKS KEDLVSQGFT EFTIEDFHNT FMDLIEQVEK QTSVADLLAS FNDQSTSDYL180
15 VVYLRLLTSG YLQRESKFFE HFIEGGRTVK EFCQQEVEPM CKESDHIHII ALAQALSVSI240
QVEYMDRGEG GTTNPHIFPE GFRAQGLTLF 270

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 440

20

(A) LÄNGE: 145 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 440:

RWRRRLSSR SRSRWAATPK VLTWVPMKP SWLSRTEFSK RLLCRTLWCQ SGWSSRSYTR 60
SMLKMTTSIN RRSRTSTKST RTSARPLTA TVSIGLSDSP TWRHCWMTAR SCSSGRLCLP120
RARKTWCPR SLNSQLRIST TRSWT 145

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 441

(A) LÄNGE: 210 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

45

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 441:

IAPSRLKQ GK TLGSEALRED VRIGGAALAA VHVLHLDGHA EGLGQRNDVD VVALLAHGLH 60
LLLAELLDSP STLDEVLEEL ALALQVARGE QPQVDHKVVG GALVIEGGQQ VGDRGLLLHL120
LNQVHERVVE ILNCFEAL GHQVFLALGR HSLEFLQLLA VIQQCLQVGE SESPIETVAV180
10 RPLADVRVL FVEVLDLLLI DVIIFSILLV 210

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 442

(A) LÄNGE: 322 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

15 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 442:

NSERGLQAM MTHLHVKSTE PKAAPQPLNL VSSVTLSKSA SEASPQSLPH TPTTPTAPLT 60
30 PVTQGPSVIT TISMHTVGPI RRRYSKYNV PISSADIAQN QEFYKNAEVR PPFTYASLIR120
QAILESPEKQ LTLNEIYNWF TRMFAYFRN AATWKNVRH NLSLHKCFVR VENVKGAVWT180
VDEVEFQKRR PQKISGNPSL IKNMQSSHAY CTPLNAALQA SMAENSIPLY TTASMGNP TL240
GNLASAIREE LNGAMEHTNS NESDSSPGRS PMQAVHPVHV KEEPLDPEEA EGPLSLVTTA300
35 NHSPDFDHR DYEDFVNED ME 322

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 443

(A) LÄNGE: 103 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

40 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 443:

FGTRAPASHD DPPACEVYRT QSCPSAPESG IKCHPLQVRI GGFSTELTSY SNDPNRPPDS 60
 RHPRPLCHHN HQHAHGGTHP QAVLRQIQRA HFVSRYCAEP RIL 103

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 444

- (A) LÄNGE: 101 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 444:

SLSWSKSGLW LAVVTKDRGP SASSGSRGSS LTCTGCTACI GDLPGLLSLS LLLVCSIAPF 60
 SSSRIALAKL PRVGFPMEAV VYRGILFSAI EACKAALRGV Q 101

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 445

- (A) LÄNGE: 539 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 445:

LDVQVKDDSR ALTLGALTLP LARLLTAPEL ILDQWFQLSS SGPNSRLYMK LVMRILYLD 60
 SEICFPTVPG CPGAWDVDSE NPQRGSSVDA PPRPCHTTPD SQFGTEHVL RHVLEAQDLI120
 AKDRFLGGLV KGKSDPYVKL KLAGRSFRSH VVREDLNPRW NEVFVIVTS VPGQEELEEV180
 FDKDLKDDF LGRCKVRLTT VLNSGFLDEW LTLEDVPSGR LHLRLERLTP RPTAAEELEEV240
 LQVNSLIQTQ KSAELAAALL SIYMERAE DL PLRKGTKHLS PYATLTVGDS SHKTKTISQT300
 SAPVWDESAS FLIRKPHTES LELQVRGEGT GVLGSLSLPL SELLVADQLC LDRWFTLSSG360
 QGQVLLRAQL GILVSQHSGV EAHSHSYSHS SSSLSEEP EL SGGPPHITSS APELRQLTH420
 VDSPLEAPAG PLGQVKLT LW YYSEERKLVS IVHGCRSLRQ NGRDPPDPYV SLLLLPDKNR480
 GTKRRTSQKK RTLSPEFNER FEWELPLDEA QRRKLDVSVK SNSSFMSRER DCWGRCSWT 539

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 446

- 5 (A) LÄNGE: 99 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 446:

20 LLCLPAFVSL HHRLNVM SLK LGSKGRACAL QPFHLTG PYS GLCLTKEKNR MFPLLHGLYP60
SGPLGRGP EL AVSCFACTLF SLPPNSSGPS VSVPGWQH 99

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 447

- 25 (A) LÄNGE: 112 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

35 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 447:

40 VWIKLFTCST SSNSAAVGRG VRRSRRKCRR PDGTSSRVSH SSRKPLFKTV VRTLHLPRK 60
SSLSKSLSKT STSSWPGETD VTITSKTSFQ RGLRSSRTTW LRKLRPANFS LT 112

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 451

- 45 (A) LÄNGE: 56 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 451:

10

FFFFFFVETGF RHVDETGLEL LASSDLPPQL LKVLGLYRHE PLSLALKRFS QRPSVR 56

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 452

15 (A) LÄNGE: 56 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 452:

30

IRFGISCPGP GISLQEPLPL CWRHSFRIRR RREKRKCKGG RSFPGRITISV THMDPR 56

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 453

35

(A) LÄNGE: 57 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 453:

VTEMVRPGKD LPPLHFLFSL LLLILKLCLQ QRGRGSCREI PGPGQEMP NL IYLTEGL 57

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 454

- 5 (A) LÄNGE: 80 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 454:

20 ILAFWRAAPL WHHQTLLCFP STWNSSNIRG CEGLAILLSW VHVSDRNGAA WERSPSFTFS60
LLPPPPYSKT VPPTGQGLL 80

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 455

- 25 (A) LÄNGE: 182 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 455:

ARLPLLAED RGQPGSVKDP KMAGRKLALK TIDWVAF AEI IPQNQKAIAS SLKSWNETLT 60
SRLAALPENP PAIDWAYYKA NVAKAGLVDD FEKKFNALKV PVPEDKYTAQ VDAEEKEDVK120
SCAEWVSLSK ARIVEYEKEM EKMKNLIPFD QMTIEDLNEA FPETKLDKKK YPYWPHQPIE180
45 NL 182

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 456

- 50 (A) LÄNGE: 76 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 456:

15 AQSIAGGFSG KANLEVRVS FQDFRELAMA FWFWMISAK ATQSMVFRAS FRPAILGSFT60
DPGCPRSSAA SNGSRA 76

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 457

20 (A) LÄNGE: 104 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 457:

35 CPECVIQGPE LPPGLNFINS QLVGEANRDT FSCLIWFLGK LHSSPQWSSD QMELSSSSSP 60
SLSHILQSWP LRETPTQHKI SHLLFLRHPP GQYIYPLARE PSAH 104

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 458

40 (A) LÄNGE: 223 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 458:

5 RGAGGHQGES GRPEGWPPPF LHPRGRFQVP WLESVLIVVS NNIDEEALAR LAQEGSEVNV 60
IGIGTSVVTC PQQPSLGGVY KLVAVGGQPR MKLTEDPEKQ TLPGSKAAFR LLGSDGSPLM120
DMLQLAEEPV PQAGQELRVW PPGAQEPCTV RPAQVEPLL R LCLQQGQLCE PLPSLAESRA180
LAQLSLSRLS PEHRRRLSPA QYQVLSERL QALVNSLCAG QSP 223

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 459

(A) LÄNGE: 157 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 459:

VIRVVSSQPR SESQGDCAH RLFTRACSLD DSTTWYCAGL RSRLCSGLSR LRDSWAKALD 60
SARDGSGSHS CPCWRQSRSS GSTWAGLTVQ GSWAPGGHTL SSCPACGTGS SANCSMSMSG120
30 DPSEPRSRKA ALLPGNVCFS GSSVSFIRGW PPTATSL 157

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 460

(A) LÄNGE: 93 Aminosäuren

35

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

45

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 460:

50 PPLFPHLLFL WGKVSDDCCF QSAPLRVSGG LPRTQTVHQG LQPLGQHHLV LCRAPQPPVL60
RAESAQQQLG QGSRLCQWE RLTQLSLLEA EPQ 93

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 461

- 5 (A) LÄNGE: 328 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 461:

20 FSLILCKHSI GDRKNYASAK LSELLPEEVE AEVKAAAEIS MGTEVSEEDI CNILHLCTQV 60
 IEISEYRTQL YEYLQNRMM IAPNVTVMVG ELVGARLIAH AGSLNLAKH AASTVQILGA120
 EKALFRALKS RRDTPKYGLI YHASLVGQTS PKHKGKISRM LAAKTVLAIR YDAFGEDSSS180
 AMGVENRAKL EARLRTLEDR GIRKISGTGK ALAKTEKYEH KSEVKTYDPS GDSTLPTCSK240
 KRKIEQVDKE DEITEKKAKK AKIKVKVEEE EEEKVAEEEE TSVKKKKKRG KKKHIKEEPL300
 25 SEEEPCTSTA IASPEKKKKK KKKRENE 328

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 462

- 30 (A) LÄNGE: 124 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

40 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 462:

45 YNRNSFLLIL VLSLFFLFL FLWTSNCCAG TWFFLRKWFF LNVFLFTPFL LLLHRCFFFF 60
 CHEFFFLFFN FNFNLGFFGF LFSNFILFIY LEYFAFFRTG WKCGVTRRIV SLHFTFVFIF120
 FCFC 124

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 463

- 50 (A) LÄNGE: 101 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 463:

15 SSFSLFFFFFF FFFSGLIAIV LVHGSSSESG SSLMCFFLPL FFFFTDVSS SSATFSSSSS 60
STLTLLLAFL AFFSVISSSL STCSILRFLE QVGSVESPEG S 101

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 464

(A) LÄNGE: 427 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 464:

GGSSRRHGGG YAAVALLVLL LLGPGGWCLA EPPRDSLREE LVITPLPSGD VAATFQFRTR 60
WDSELQREGV SHYRLFPKAL GQLISKYSLR ELHLSFTQGF WRTRYWGPPF LQAPSGAELW120
VWFQDPTVDV DKSWKELSNV LSGIFCASLN FIDSTNTVTP TASFKPLGLA NTDHYFLRY180
40 AVLPREVVCT ENLTPWKLL PCSSKAGLSV LLKADRLFHT SYHSQAVHIR PVCRNARCTS240
ISWELRQTLS VVFDAFITGQ GKKDWSLFRM FSRTLTEPCP LASESRVYVD ITTYNQDNET300
LEVHPPPTTT YQDVILGTRK TYAIYDLLDT AMINNSRNLN IQLKWKRPPE NEAPPVPFLH360
AQRYVSGYGL QKGELSTLLY NTHPYRAFPV LLLDTVPWYL RLLHPLPACP GPAATPPPGD420
45 ADSAAGQ 427

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 465

(A) LÄNGE: 128 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 465:

SPSILYGSCT CHSHKAFGGP DTGGHPSCR P HQVQSCGSGS KTLSLMWINL GRSSVMSSQG 60
SSAPLSTST PPTQSLPLPP SNPWVWMTL TTTFCAMLCC RGRWSAPKTS PPGRSSCPVV120
PRQASLCC 128

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 466

(A) LÄNGE: 124 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

20

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 466:

PQAWRRLCRC CSARPVAPGA RRLVPCRTPT RQPAGGTCHH PAAFRGRSRH IPVPHALGFG 60
ASAGRSVPLQ ALSQSPGAAD LQVFSTGAAP VIHTRLLEDP ILGATLPAGP IRCRAVGLVP120
RHCH 124

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 467

40

(A) LÄNGE: 106 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 467:

5 FLHKTHNRAV EEAKEPFLCL CSRTERGPLA SVSLLVLPGL YQALRRGMET PHSGAWLGEG 60
EAAGVLWASR GYNLSSLGNV CPFVGSSEPTR RGTQLYTGTI CVWSVL 106

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 468

10 (A) LÄNGE: 164 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 468:

25 ISTKQTTTRL SQCKVESPDV SDYCLQMDTR SPESDDYTL KPKEPLPPPL PQARPQSGAF 60
PYPASRPGTV REEPAGSRWP EGLSQSYRIG IKRAPLLPPQ PCECSCAGIN LRNSPEAETG120
LMPWERSECE PMAPSLLGTN LPKYVKAEGD RDLAEGRKSF SSRN 164

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 469

30 (A) LÄNGE: 108 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
35 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 469:

45 EIRGRPPLFM PPLSCVDEFL QNRPHTDCPS VKLSPTTCRT TAYKWTHVPQ RAQIIPSRSP 60
KNPCRLPFPK PGPRVGRFHT PPQGLVQSGK NQQAHAQRA SLSPTTEA 108

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 470

- (A) LÄNGE: 317 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 470:

NMVDYYEVLG VQRHASPEDI KKAYRKLALK WHPDKNPENK EEAERKFKQV AEAYEVLSDA 60
KKRDIYDKYG KEGLNGGGGG GSHFDSPEEF GFTFRNPDDV FREFFGGRDP FSFDFFEDPF120
EDFFGNRRGP RGSRSRGTGS FFSAFSGFPS FGSGFSSFDI GFTSFGSLGH GGLTSFSSTS180
EGGSGMGNFK SISTSTKMVN GRKITTKRIV ENGQERVEVE EDGQLKSLTI NGVADDDALA240
EERMRRGQNA LPAQPAGLRP PKPPRPASLL RHAPHCLSEE EGEQDRPGAP GPWDPLGVRS300
RIERRWQEEE AEAERGV 317

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 471

- (A) LÄNGE: 123 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 471:

SMPLVQLPSS FKLLSLLLLL PLATFFQSCC GRRGGPRARV PQVGPARPPP QRDSEARVSA 60
ARQAGAASAG GGRQAGLAGR SGLSACAPQR GHRRRPHHLL LRTLTHLLQ LLLFLDRSRQ120
FSL 123

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 472

- (A) LÄNGE: 105 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 472:

KIRSNQCLWS NFLPPSNSSL CFCFFLLPPS FNPAADAEGV PGPGCPRSVL LALLLRETVR 60
RVSQQRGRFG RLRRAEAGRL GWQGVLASPH ALLSEGIVVG HTIYC 105

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 473

(A) LÄNGE: 159 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

20

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 473:

IVSERSLRSL WTAHWALPEM DSRIPLYDDYP VVFLPAYENP PAWIPPHERV HHPDYNNELT 60
QFLPRITLTK KPPGAQLGFN IRGGKASQLG IFISKVIPDS DAHRAGLQEG DQVLAVNDVD120
FQDIEHSKAV EILKTAREIS MRVRFFPYNV HRQKERTVH 159

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 474

40

(A) LÄNGE: 75 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 474:

5 PPTGRPPPPFF FFFFFFFFSIV FYFLGERLGG GRGENSVSLE SQKCMNLLVV QGWDKMAREV60
RWKIPKILFA TDFYN 75

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 475

10 (A) LÄNGE: 97 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 475:

25 LGGLSSSDVK SQLSSRRLQ CDGSGQKLGQ LIVVVRVVYP LMRRNPCWRI LIGRQENHRV60
VIIRNPAVHL GQGPVGSPQR PQTPLTDSV WEPEADA 97

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 476

30 (A) LÄNGE: 274 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 476:

45 GHLWRPAGGR LPRHHDQVCR AAEPHRGGGL CGHQRRLPHR PRVQEGWGLC PHESLHQVPA 60
DRPWHEPGAG CAADCEDPHR RPGACEPGAP PAARAAGLGR GTRHGNGDIL SFEDANRAMQ120
TGVTGIMIAR GALLKPWLFT EIKEQRHWDI SSSERLDILR DFTNYGLEHW GSDTQGVEXT180
50 RRFLLEWLSF LCRYDPVGLL ERLPQRINER PPYYLGRDYL ETLMASQKAA DWIRISEMLL240
GPVPPTSPSC RSTRPRTSS LRLSQGHPGA RRVQ 274

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 477

- 5 (A) LÄNGE: 256 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 477:

20 AGPAPVQPGP HTRCRCPRGH GSRGRSQAGK LWCPAGPRRP GTSTPPSSPV RTCGFLTDED 60
VVRLRPCEKK RLDIRGKLYL APLTTCGNLP FRRICKRFGA DVTGEMAVC TNLLQGQMSE120
WALLKRHQCE DIFGVQLEGA FPDMTKCAE LLSRTVEVDF VDINVGCPID LVYKKGCGCA180
LMNRSTKFQQ IVRGMNQVLD VPLTVKIRTG VQERVNLAHR LLPELRDWGV ALVTEMGTSC240
25 HLRMPTAPCR LVSPGS 256

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 478

- 30 (A) LÄNGE: 165 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 478:

45 NLLYSPRPRV PLGKPEATCT RWPCASARRR GGGHWPKEHL ADADPVGCLL AGHQRLQVVA 60
AQVVGRLVD PLWEPLQQPH GIVPAQEGQP LEQKAPGLLH ALRVRAVLQ AVVGEVPQDV120
QALGRDVPV PLLLDLREEP RLEQGATGNH DPGDTS LHGA VGILK 165

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 479

- 50 (A) LÄNGE: 262 Aminosäuren
(B) TYP: Protein

WO 99/55858

PCT/DE99/01258

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 479:

15 GSPMSPARAM QTLFVPEHGD HGAGVCSDDH HRGGHVPAEP LQAVCTVLHQ PAQPGAEERR 60
CPVLRMPVA SETQCQATES QSRSLTPELG PPTAWPCALR PAERFPPLPA QCLLHVQLQT120
LFVPEHGDHG AGVCSDDHHR GGHVPAEPLQ AVCTVLHQPA QPGAEERRCP VLRRMPVALG180
EHSVRQRNPR AAGLRPASAH RPPGRAALRP AGALPPLPAH LSVPAARDRP AAHHLAVRRG240
20 GAPTLPGLD LQSGSGPRGV GN 262

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 480

(A) LÄNGE: 270 Aminosäuren

25

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

35

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 480:

40 AAQCLLHVQC KRSLFQSMEI TELEFVQIII IVVVTCLLSH YKLSARFIS RHSQRRRED 60
ALSSEGCLWP RRHSVRQNP RAAVLRPASA HRPPGRAPFA QRSVFHRCQP NVSCTCNCKR120
SLFQSMEITE LEFVQIIIIV VVTCLLSHYK LSARFISRH SQGRRREDAL SSEGCLWPSE180
STVSGNGIPE PQVYAPPRPT DRLAVPPFAQ RERFHRFQPT YPYLQHEIDL PPTISLSDGE240
45 EPPPYQGPWT FKVRDPEEL EIERGLGAET 270

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 481

(A) LÄNGE: 124 Aminosäuren

50

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 481:

ATTSC LHGPS SAGTARGGGE KMPCPQKDAC GPRRAQCQAT ESQSRRSTPR LGPPTAWPCR 60
PSPSGSASTA SSPPIRTCST RSTCRPPSRC QTGRSPHPTR APGPSRFGTP RRSWKLNWDW120
VRRP 124

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 482

(A) LÄNGE: 99 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

20

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 482:

35

RVLVSPLSL S MWRWKVEKDT VSILKLLRFS ERGRHLNRQV GFSVLSALGI WREMGLLSLC60
TQEGHALKTV FVDQRRLYST GGIQMSLRGR EETWQADYI 99

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 483

(A) LÄNGE: 104 Aminosäuren

40

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

50

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 483:

5 VLEEEKKHGK QITSEPFELC FSFFPCLFSK IYLNLETQDI FLGNLLPMSE VASAASRQIP 60
GNPEPQNVIP PGSAWPDVPL SAGFTYQSHS SFSINTPKSS PNHH 104

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 484

10 (A) LÄNGE: 123 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 484:

25 KLDSTQCRPS LHTNMYVLLS ECHLLCTQCH DSKIKISVSN QNINQARNSW AQRGVRGLSY 60
TAVKQPTCSA HSQAESDWSC RQRGGGRVLC CPLLCMVSWV FQGGQLLSPN KTVNSLRTGP120
LPH 123

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 485

35 (A) LÄNGE: 303 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 485:

50 LGRKPSWVGG AGLEPSQGS LSHHPAPQSD SAPTSPPIPG EPGPQREVDK WGGSLGRPES 60
SGHPGRTPAT CCHCAAVMAR SGSATPPARA PGAPPRSPPQ RLVQDVSGPL RELRPRLCHL120
RKGPQGYGFN LHSDKSRPGQ YIRSVDPGSP AARSGLRAQD RLIEVNGQNV EGLRHAEVVA180
SIKAREDEAR LLVVDPETDE HFKRLRVTP TEEHVEGPLPS PVTNGTSPAQ LNNGSACSSR240
SDLPQSDKDT EDGSAWKQDP FQESGLHLSP TAAEAKEKAR AMRVNKRAPQ MDWNRKREIF300
SNF 303

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 486

- 5 (A) LÄNGE: 149 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 486:

20 APRRRPRRRR LEPCESTSR HRWTGTGSVK SSATSEPLPA CLGTLGPLPH GPWASACPEL 60
PQPQWTGGWS CHCPEISPPS GEPPSCPCPP GTGGLWQQDR GRETQRCERE SETETERERE120
RHRERQRESE RARGSRGARA FAALPGPAD 149

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 487

- 25 (A) LÄNGE: 217 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 487:

FLNGRRTTLQ STEAGGARGR LRPKVRAGGV PGSRDRQEGA QKLLKISRFL FQSICGARLL 60
TRMARAFSLA SAAVGLRWRP LSWKGSCFQA LPSSVSLSEP GRSLRDEHAE PPLSWAGLVP120
LVTGDGRGPS TCSSVGVTRS RLKCSSVSGS TTSSRASSSR ALMLATTSAW RSPSTFCPFT180
45 SMSRSWARRP ERAAGEPGST ERMYPGRDL SLCRLNP 217

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 488

- 50 (A) LÄNGE: 298 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 488:

15 EIRAVGGGVC VDMGTPGEG LGRCSHALIR GVPESLASGE GAGAGLPALD LAKAQREHGV 60
LGGKLRQRLG LQLELPPEE SLPLGPLLGD TAVIQGDTAL ITRPWSPARR PEVDGVRKAL120
QDLGLRIVEI GDENATLDGT DVLFTGREFF VGLSKWTNHR GAEIVADTFR DFAVSTVPVS180
GPSHLRGLCG MGGPRTVVAG SSDAAQKAVR AMAVLTDHPY ASLTLPDDAA ADCLFLRPGL240
PGVPPFLLHR GGGDLPSQE ALQKLSDVTL VPVSCSELEK AGAGLSSLCL VLSTRPHS 298

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 489

(A) LÄNGE: 175 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

25 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

: (A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 489:

40 AGHRYQGDIR ELLQCLLAVG QIPTSTVQEE RGHTRQPRTK KETVSSCVIW EGQGGIWWIC 60
QHCHCPDSSL GSVAACHNS ARSPHAAETA QVGGTRDWHS GDGEVPERVR HDLSSSVIGP120
FGEAYEKLPA GEENVSAIQ RVLVSYPHNS EPQVLQGFAD SIDLWPTSGA PGPRD 175

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 490

(A) LÄNGE: 150 Aminosäuren

45 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 490:

LGPCPLGSRP CRQAAVPAAM TPQVAVLA AV PVVASVYLP APRAPFELWP DPEREGQPPH 60
LPPTPGSLGL PGSGHGSSGP APFPASPSHP HRLPLQLPLGF LSFLVSSPVS SGHPHSCRAV120
10 ISAGAPPPED RVGGEGSPRL QASGTGSSGF 150

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 491

(A) LÄNGE: 89 Aminosäuren

15 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

25 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 491:

30 FVKRTKQPRQ TLDAPCSALR LWGRCLLGEA VAQGVHCEAG PVDSAGGIHL ASGCLVSVYS60
DIAFCCHLSC GQRGVSWHEN IFFKCGSF 89

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 492

35 (A) LÄNGE: 63 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

45 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 492:

50

LTHLLFEKCL LPSLGLITKF DHDHIVVSQS ALEIVSGLHE VAMGVWSTLK LYQSCTYFQT60
FLK 63

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 493

- 5 (A) LÄNGE: 73 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 493:

20 DGSRLCHYI QKQDNKLNG CPLQSQVQP HSARPELQPL PKGIFPTAST PSKEHQGFVS60
VVLFFLQTID IYS 73

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 494

- 25 (A) LÄNGE: 318 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 494:

40 KCATFWSFPR RQGGGLGIAIS EEDTLSGVII KSLTEHGVAA TDGRLKVG DQ ILAVDDEIVV 60
GYPIEFISL LKTAKMTVKL TIHAENPDSQ AVPSAAGAAS GEKKNSSQSL MVPQSGSPEP120
ESIRNTSRSS TPAIFASDPA TCPIIPGCET TIEISKGR TG LGLSIVGGSD TLLGAI IHE180
VYEEGAACKD GRLWAGDQIL EVNGIDLRKA THDEAINVLR QTPQVRVRLTL YRDEAPYKEE240
45 EVCDTLTIEL QKKPGKGLGL SIVGKRNDTG VEVSDIVKGG IADADGR LMQ GDQILMVNGE300
DVRNATQEAV AVWIKVFP 318

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 495

- 50 (A) LÄNGE: 206 Aminosäuren
(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 495:

15 SAFAEMGSDH TQSSASKISQ DVDKEDEFGY SWKNIRERYG TLTGELHMIE LEKGHSGGL 60
SLAGNKDRSR MSVFIVGIDP NGAAGKDGR L QIADELLEIN GQILYGRSHQ NASSIIKCAP120
SKVKIIFIRN KDAVNQMAVC PGNAVEPLPS NSENLOKNET EPTVTTSDAA VDLSSFKNVQ180
HSGASQGGRG VVWLLSAKKI HSESS 206

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 496

(A) LÄNGE: 119 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 496:

TSWIIMAPSS VSEPPTMLRP SPVRPLEISM VVSQPGIMGQ VAGSEAKIAG VDDLLVFRMD 60
SGSGEPDCGT IRDWELFFFS PLAAPAAEGT AWESGFSAWM VSFTVIFAVF RRLINFSIG 119

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 497

(A) LÄNGE: 71 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 497:

SAPSLTKCRS THVYPLSLIM FMSGGSSRST LRRMVPTPST TSLSPRSSSS TSKLLTQSGP60
SLPQPPASRP F 71

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 498

(A) LÄNGE: 139 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 498:

SRSPACGASE HGDGAMSLIC SISNEVPEHP CVSPVSNHVV ERRLEKYIA ENGTDPINNQ 60
PLSEELIDDI KVAHPPIPKP PSATSIPAIL KALQDEWDAV MLHSFTLRQS CRQPAKSCHT120
LCTSTMPPAV SLPVSPRKL 139

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 499

35

(A) LÄNGE: 74 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 499:

50

TTGRERGCPR CAGLFYCFLE LMKLDHCLQN PAQALLPIPF TVSLVRRAMT RQAASCWYRA60

CDSSWRVCS SGAE

74

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 500

- 5 (A) LÄNGE: 71 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 500:

FSFFNETRSL LTKPCTSPPA HPLHSSLGSA SPVSQELQQN GCGTATTTSI ERQEGRGAVG60
LVQGFFIVFF F 71

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 501

- 25 (A) LÄNGE: 284 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 501:

EARGLATRTR SGAAAHAGDR FTDADDVAIL TYVKENARSP SSVTGNALWK AMEKSSLTQH 60
SWQSLKDRYL KHLRGQEHKY LLGDAPVSPS SQKLKRKAE DPEAADSGEP QNKRTPDLP120
EEYVKEEIQE NEEAVKMLV EATREFEEVV VDESPPDFEI HITMCDDPP TPEEDSETQP180
45 DEEEEEEEK VSQPEVGAAI KIIRQLMEKF NLDLSTVTQA FLKNSGELEA TSAFLASGQR240
ADGYPIWSRQ DDIDLQKDDE DTREALVKKF GAQNVARRIE FRKK 284

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 502

- 50 (A) LÄNGE: 123 Aminosäuren
(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 502:

15

ETFSSSSSSS SSGCVSESSS GVGGSSSHIV ICISKSGGLS STTTSSNSRV ASTSIFLTAS 60
SFSWISSFTY SSSGKSGVLL FCGSPLSAAS GSSSAFRLSF WEEGLTGASP SRYLCSWPRR120
CLR 123

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 503

20

(A) LÄNGE: 175 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 503:

40

VFLRCGWIII THSYMYFKIR RALIHNNLLK LPGGFHKHLF DCFILLDFF LHILFFRQIW 60
SSLILWFPAI RGLRVLLRLP LELLGGGAHR RVPQQVLMML APQVLEVAVL QGLPRVLRER120
ALLHRFPQGV TGDGAGRAGI FLHVGKDGIV VRIREAIARV RCRSAPRARR QAPGF 175

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 504

45

(A) LÄNGE: 78 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 504:

CPPEKSLQMF QPLSSPDSHR KGTGFGLGIV FSLTFFKRRM WPLAFGSGMG LGMAYSNCQH60
DFQAPYLLHG KYVKEQEQ 78

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 505

(A) LÄNGE: 95 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 504:

SKTSTLPVAI WTRQRLEHLQ GFLGWTISITR ILSSRPHPD TGPTSCRAFT QTCSPPPA60
FLSAGPRAPT PESLARAGNK SQVRKAGADA PDIAR 95

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 506

(A) LÄNGE: 156 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 506:

AIPNPMPEPK ANGHILLKK VSEKTIPNPK PVPFLWLSGL DRGWNICRDF SGGHQLPGFY 60
LHDIRIQTPV PLPAELRLRH VPHRLQLSS RPAPALRPLK VSRELETSPR SGRQAQTLQI120
SRDDPLLPSL PVFSVGRQGD AVVWRLEVTL TLGCAY 156

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 507

5 (A) LÄNGE: 169 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 507:

20 AASGMLGSWP ARTFHPGACV SRRPSAPWKH TASGKDSPDL RFSEHGVSQE FWAGGLVAVL 60
EMTPSPSPWG TQEGPAGMCS LWVVGWCPGR GAGVRDLVLV HAGVWCKHVC AVQRDACGES120
RTPAPPRKGG AVTSVLCLFL IKTFPLFSYK FASCKQVHKD PPLVKSGFE 169

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 508

30 (A) LÄNGE: 155 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 508:

TQNTGNRSFA PGWRWCAALS TRVSLYSTYM FTPHTCVDEH QITHPSSTTG TPADYPQAAH 60
SGRALLGAPR GGARGHLQHC HQAASPEFLG NTVLGKPKVR AVLPRGRVLP GCGGPAADTG120
45 PRVEGPGRPA SKHARRSLGE PGSVASSLLS LRSPI 155

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 509

50 (A) LÄNGE: 148 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 509:

15 ENRGNVLIKN KHKTLVTAPP FLGGAGVRLS PHASLCTAHT CLHHTPAWTS TRSRTPAPRQ 60
GHQPTTHRLH IPAGPSWVPH GEGLGVISST ATRPPAQNSW ETPCSENRRS GLSFPEAVCF120
QGAEGRRLTQ APGWKVLAGQ LPSMPDAA 148

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 510

20 (A) LÄNGE: 75 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:

: (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 510:

35 NAYISGYERD FMTIQSNITL ADRETEVFHD LPSLPASLRQ NWIPTLVFFL FFTSFSLLYN60
VLRDQNSHQN RLFLR 75

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 511

40 (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 511:

5

FRDTEGLLAL MTFWMGLQLM TILILEERTL LIFSPIALLR RSTSYSESLH IPLVFLQAPE60
PLVQMLY 67

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 512

(A) LÄNGE: 101 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 512:

IFFFFFFFF PLRHLFNNCR NPKELASNLE VVSEAAGWLD WAQPLSCLNR PRNGIMMTMR 60
TSILSSSHCV YYVFSFNKAF VPMALDELGGR LKECVVILSK M 101

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 513

35

(A) LÄNGE: 179 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 513:

50

FGTMGGISDP DTLHIWKTNS LPLRFVWNIL KNPQFVFDID KTDHIDACLS VIAQAFIDAC 60
SISDLQLGKD SPTNKLLYAK EIPEYRKIVQ RYYKQIQDMT PLSEQEMNAH LAEESRKYQN120

EFNTNVAMAE IYKYAKRYRP QIMAALEANP TARRTQLQHK FEQVVALMED NIYECYSEA 179

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 514

- 5 (A) LÄNGE: 179 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 514:

20

DRGAPALTPG HLHPLPPVPR SVSGMEAREL VRLPHLPSTA CTVPTHLLHN VQLVLLPRAP 60
CIQAAKHKLQ ERRPPARRLQ PRNSTSSTLV QGALLELTFD WFLQLPKCY LHFPLTRRGS120
WPQTVSSSVR FLLLGRLLE WAVPAPWGAL WASPGAGRVE GRDGGHRSWE PRLQEKERG 179

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 515

- (A) LÄNGE: 200 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
30 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 515:

SGDRWEGMEV PRGQGGGAPV SESSPSSCPR PSRLCSVFPS LSHRHGVEDQ VEAQWASISP 60
SSSLTNSPCV SGLTVALVDV VLHQSHLLK LVLQLCPPGR GVGLQRGHD L RPIPLGVLIN120
45 LCHGHIGVEL ILVFPRLGQ MGIHLLAER RHVLDLLVVA LHDLPVLRNL LGVEELVGWR180
ILAQLQVRDG AGVDEGLRDD 200

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 516

50

- (A) LÄNGE: 157 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 516:

15

TSMEALLFRL FKLPAATLRC IGLRRPLVTH TLRRKCEHKA SRLCHGGCCC TLEPCVGRHR 60
DWDLERGKSS AKTGGEHGR RTAAARGGSE RPVLGHRRRD PDAGGLRGQD GEALQHRGWH120
IPGSETLPGR GGHVPWPRPG RRHPHMC GF WDSQSLA 157

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 517

(A) LÄNGE: 401 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

25

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 517:

40 RTRCAGSVNT KPPGFVMAAA AARWNHVWVG TETGILKGVN LQRKQANFT AGGQPRREEA 60
VSALCWGTGG ETQMLVGCAD RTVKHFSTED GIFQGQRHCP GGEGMFRGLA QADGTLITCV120
DSGILRVWHD KDKDTSSDPL LELRVGPGVC RMRQDPAHPH VVATGGKENA LKIWDLQGSE180
EPVFRAKNVR NDWDLRVPI WDQDIQFLPG SQKLVTCTGY HQVRVYDPAS PQRRPVLETT240
YGEYPLTAMT LTPGNSVIV GNTHGQLAEI DLRQGRLLGC LKGLAGSVRG LQCHPSKPLL300
ASCGLDRVLR IHRIQNPRGL EHKVYLKSQL NCLLLSGRDN WEDEPQEPQE PNKVPLEDTE360
45 TDELWASLEA AAKRKLGL E QPQALQTRR RKKKRPGSTS P 401

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 518

(A) LÄNGE: 222 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

50

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 518:

SWEKLYVLVP DGNPQVQPI PHVLGPEHRF LRALQVPYLQ SILFPTCGNH MGVCWVLAHP 60
THPRAHSQFQ EWVRGCVLVL VMPDSENPRI HTCDEGAVGL GEATEHALPA RAVSLTLEYA120
ILGAEVLHRP VRAAHQHLGL AAGAPTQGAH CLLAPRLSSG REVRRLFSLK IYPFQDPSLG180
15 ADPHMVPACS SSRHDKAWRL CVHTSGAACA SPAGVEVRCT AV 222

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 519

20

(A) LÄNGE: 86 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 519:

35 DPRPVSLTL ALLPRCHFLS SSVKYRLHIL SLNASTICVT PKDFWDFDET CEGEDTEKPV60
ICKHLLLFPH HLWDISAVVS KWQIIN 86

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 520

40

(A) LÄNGE: 77 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 520:

5 ISSVNYHMTI QAQYKLGHCI LCGWISVAVF LTSPKKTSCR AELLVQAPDN DAPDFAFWGL60
SLLLSHFLKL FAWPWHH 77

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 521

10 (A) LÄNGE: 71 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 521:

25 CGNKSCKLQI TGFSVSSPSQ VSSKSQKSLG VTQIVLALSD KMCSLYLTEE ERKWHLGSSA60
RVSKETGLGS Q 71

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 528

30 (A) LÄNGE: 120 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 528:

45 LTYLFFFFFF FFLGRSLGFI RSVGTLFRSE APPSHGVGDS GGRGNPSEHP GGCVVSMYFA 60
LPHLFHGVPC QGQALICGEG SKQRRRPFRG GERAAPRTP SPAHDIPEKE TKIKPRGLST120

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 529

- (A) LÄNGE: 90 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 529:

PLLKGKKLSA ALTNLSFFFF FFFFFGKKPW LLYSLCGDTVP FRGPSQPWGG GQWWAWESQR60
ASWRVRLHV FCSSPSFPWG PLPGSSTNMW 90

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 530

- (A) LÄNGE: 96 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 530:

NKAPGPFYVG APLKYGMVVG REAVAQQSLS PDYQLWGGFQ GARSRLGSSS HRHVGGGRKY60
LQGGTVSEEQ DGRGFSACYG ILFKEMGVKP GTVAHA 96

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 531

- (A) LÄNGE: 497 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 531:

TPALVQRFRE GGSGAPEQAE CVELLLALGE PAELCEEFL AHARGRLEKE LRNLEAELGP 60
SPPAPDVLEF TDHGSGGFVG GLCQVAAAYQ ELFAAQGPAG AEKLAARFARQ LGSRYFALVE120
10 RRLAQEQGGG DNSLLVRALD RFHRRRLRPG ALLAAAGLAD AATEIVERVA RERLGHHLQG180
LRAAFLGCLT DVRQALAAPR VAGKEGPGLA ELLANVASSI LSHIKASLAA VHLFTAKEVS240
FSNKPYFRGE FCSQGVREGL IVGFVHSMCQ TAQSFCDSPG EKGATPPAL LLLLSRLCLD300
YETATISYIL TLTDEQFLVQ DQFPVTPVST LCAEARETAR RLLTHYVKVQ GLVISQMLRK360
SVETRDWLST LEPRNVRAVM KRVVEDTTAI DVQVGLLYEE GVRKAQSSDS SKRTFSVYSS420
15 SRQQGRYAPS YTPSAPMDTN LLSNIQKLF5 ERIDVFPVE FNKVSFLTGI IKISLKTLAG480
SVCGLRFTLA LCGLQQG 497

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 532

20 (A) LÄNGE: 153 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 532:

35

CGSGWSWPHW PATRPGQGPP SQPREVLPAW GGRLSGSPGR PPGDPAGGGP GARGPLVPRS 60
PWQRLRARQR PAGPREPASA GGSGPAPAPA VSCHHHAPAPA PAAAPPAQNS GCPAAGRPP120
ASRHLGPGP QTAPGRPPPP GRGRPRSHCL HGR 153

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 533

45 (A) LÄNGE: 221 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 533:

5

YDQALHLHV V GQQPPRRFP G LCTQRAHGRH WELILHQKLF ISESEDVGDG GRLVVQAEAG 60
EQQEQRWCG TPLLPRVAE ALSRLAHRVD EAHDEALTD T LTAEALTPEVG LVGEGHLFGG120
EKVHCCQRGL NVAQDGAGHI GQQLGQARAL LPSHARCCQR LADVCQAAQE GRPETLQVVA180
QALAGHSFHD LRGSVCEPGS GQQGPGSPQA PVEAVQRPHQ Q 221

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 534

(A) LÄNGE: 52 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

15

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 534:

PSILIPMTPG GFFSVMVRK TGSTHRCSPA VYPLMRRIPC WRILIGRQET TG 52

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 535

(A) LÄNGE: 38 Aminosäuren

35

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

45

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 535:

50

AGKKPPASHH KESGCPSRPS PTGHSTPPSD PLTDNSVW

38

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 536

- (A) LÄNGE: 55 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 536:

SGCVPSHEED SMLEDShRQA RNHRLVIIRN PVVHLGQAPL ATPHRPQIRS LTIQS 55

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 537

- (A) LÄNGE: 113 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 537:

TRGPRKRLRR SGRGGGLRSW AGRERVLGTA LLGIYIVFPR IPGSGSEEAV TPYDRDLDS 60
RNSPQAPAGQ STSSSFQFC DGLESRLKH TVSIDCIRFV QKPGQLTESH FLA 113

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 538

- (A) LÄNGE: 101 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 538:

EPADSQARGR QCLLLHQQVQ GIWLKACIFP GHKLPEPLKW EARQFQTNLF STHHSTFKVC 60
10 LLLLPVHPPS LQFFHSLTSE RVPGGSMVNK LTCMLQKKKK K 101

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 539

(A) LÄNGE: 198 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 539:

YSLCSQCVSA PLTLNRHRSR RKRKWWIAQL EPGDCYDCLD LCGHRASQPP QTLSLECGGT 60
QCRFPGGGLSP RPSPCPPSSS GLLFYRFFLV SFLGLLFTEG TAALGFLVTS ALLGSDGSAS120
ASWDLGMGTM MASTQMSWKM APRKSPYRSR FSRKVGSGTS GGEKSRSEAM AQVACCLTSL180
LTHHSLEPTP APPRRSPR 198

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 540

(A) LÄNGE: 147 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 540:

KKNSSALIFL EEAADFGCQI SLRNGHFLRC FFLTESVDKL IKRLSHFKIT PKSSSTVFFF 60
FSFCFKITNQ VRSPTSSSMN SFVTELLSVC SPHCALNTVS AAPVCPLFRK ESIFNTFTIC120
TPWNLHMLTS YYKPTHPLS SGTGHPL 147

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 541

- (A) LÄNGE: 138 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 541:

KNDRFPWTSL PGLKGALIKL FTEHVAEKHI YGLMPLLEA QSTPFQVTPS TMANIVKGLY 60
TLRPEWVQMA PTLFSKFIPN ILPPAVESEL SEYAAQDQKF QRELIQNGFT RGDQSRKRAG120
25 DELAYNSSSA CASSRGYR 138

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 542

30

- (A) LÄNGE: 179 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 542:

45

KACIPSDQSG FRWLQLYFLN LFQTFSLRRW NLNFLNMLLK IRNFKENLYR MVLQGVTSFG 60
RELGMSWLI ARQHVQVPGG TDSECIEYAF LPEKRTHWSC RDCIQSTVGA AHTQELCHKA120
VHGRGCWTSY LVCNFKTKTK KKKNSAARLG GDFEMGQSFN EFIYRFCEEK ASQKVTISK 179

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 543

- (A) LÄNGE: 92 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 543:

IQFLEAAFAV FLHCMREGNE CRNLLWAFTF LCQFGFYCLN LMLTWRGDGG QCCCGASSES60
VCGELCCADV AVGGQVRGSA PSWKKSLRV YV 92

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 544

- (A) LÄNGE: 99 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 544:

KPNWHRKVNA HSKFLHSFPN RIQCKKTAKA ASRNCIYWPL PEQQAAMPAP WPELDACCA60
DVLTLMRMLG YGSDSEEIHL SYSSLERSSC VFNMKHFIW 99

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 545

- (A) LÄNGE: 96 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 545:

QSQNTKVFPV IRIYTDPLTK VLLIMQFASS PSSWLGSPI WHDHIKRTPS DMISSKKVPS60
LLPDHQRP HQ HNTTLRIQIH CWP HNSTVPH LLSRSA 96

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 546

(A) LÄNGE: 108 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 546:

GRDAGQSEP W LSTSGCCAWG GCAPGARGCW GPGPPSLGVG RKP GCRVSAS SVPERWIAWS 60
PRPSEASATF RGAPKSILTA RLWASAWRPQ HRGSQNERPW SSSMKTSG 108

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 547

(A) LÄNGE: 117 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 547:

PGRRAKRAMA VYVGMLRLGR LCAGSSGVLG ARAALSRSWQ EARLQGVRL SSREVD RMVS 60
TPIGGLSYVQ GCTKKHLNSK TVGQCLETTA QRVPEREALV VLHEDVRLTF AQLKEEW 117

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 548

(A) LÄNGE: 117 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 548:

PLLLELGKGQ PDVFMEDDQG LSFWDPLCCG LQALAHSLAV KMLFGAPLNV AEASDGRGDH 60
AIHLSGTEEA DTLQPGFLPT PREGGPGPQH PRAPGAQPPQ AQHPDVDSHG SLCPASR 117

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 549

(A) LÄNGE: 68 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 549:

RLSGPAANPR GAAGWRAAGA QELGMSYKPM RPWLPSSTPW SARHPLGPGA PRFPDREACA60
CAVRGCSV 68

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 550

(A) LÄNGE: 68 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 550:

10 GHCSFARRTR TPPCQGTGVP RAPGGAWQTR GCCWAARGAW VCRSPTPGR QRHASRPLL60
GWLGRSA 68

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 551

(A) LÄNGE: 68 Aminosäuren

15 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

25 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 551:

30 DTAAPHGARA RLPVREPGCP GPQGVPRPG GAAGQPGAHG FVGHPQLLGA SGTPAGRSSG60
VGCGAAQP 68

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 552

35 (A) LÄNGE: 32 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

45 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 552:

50

SPISITETQQ FSNLIHTIT CLLRMALYLF SL

32

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 553

- 5 (A) LÄNGE: 33 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 553:

20 ITLQPISQNM FLLLNTQLF YLCVLFMPDH QYQ

33

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 554

- 25 (A) LÄNGE: 43 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

35 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 554:

40 SFYFGWSHYN ENKYNAILNR QVMVCIKLL NCCVSVIDIG DQA

43

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 555

- 45 (A) LÄNGE: 85 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 555:

10 CFTHWNVFPR LWMTSFLMER VQEGWKTPGF KLSIPHMGFS IIFRPEAARP EVRLHLSALF60
VLLLATLGFL LGTMCGCGMC EQKGG 85

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 556

(A) LÄNGE: 106 Aminosäuren

15 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

25 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 556:

30 FNDGKTWQLK KTLVTNGGFL LFFPHPPFCS HMPQPHMVPS RNPKVARSSST KRADKCRRTS 60
GRAASGLKMI EKPMWGM LSL NPGVFHPSWT LSIRKEVIHN RGKTFQ 106

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 557

35 (A) LÄNGE: 109 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

45 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 557:

50 NINYIEIIFL FLLISPLGP HRLSPAQLAQ LAQLAHSPQV SRRHRALTMV GWHGVSNVAN 60
SSHHPHPHSP SQRPLVVGPA VFQKGLTCTN LRQTYAPFSV SLASPSWED 109

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 558

5 (A) LÄNGE: 50 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 558:

20 LGIFVAYRNQ LGVPSLMRCS WKAIYARGGF TFVAPPFIDP SAFKKLECN

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 559

25 (A) LÄNGE: 44 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 559:

40 FRLPFLTWHF CSLQEPAWCT FSYEMQLESH LCKRWFHFCR SSIH

44

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 560

45 (A) LÄNGE: 45 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 560:

10 RVNEWRSKDS ETTSCINGFP AASHKRRYTK LVPVSYKNAK LRMGV

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 561

(A) LÄNGE: 34 Aminosäuren

15 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

25 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 561:

30 MRSRLPCEGL VARHPRELRV PSVRFWIDWP WVLT

.34

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 562

(A) LÄNGE: 67 Aminosäuren

35 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

45 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 562:

50 VSTHGQSIQK RTEGTRSSRG CRATSPSHGN RLLIQESFPQ NPPRARFQGH PLGRQSRQQP60
FTEAMSQ

67

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 563

5 (A) LÄNGE: 50 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 563:

20 APMASQSRSA LRARVAHAGA VPPALHTAID SSFRNHFLKT HQGLGSKGTR 50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 564

25 (A) LÄNGE: 54 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 564:

40 YSIIFEQFFK CKSVSYSECV SEVIKDISQR YWPISLCNQR NSVSRLLLCV ICGS 54

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 565

45 (A) LÄNGE: 57 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 565:

10 CTMVNVNDTV SFLSSFLNVN LYLTQSVCLK LLRTFPNVTG PFPFVIRGIL FQDYCCV 57

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 566

(A) LÄNGE: 49 Aminosäuren

15 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

25 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 566:

30 EKCQPHSLIL LWPFFNFIK SHRSHTTIIL KQNSSDYKKG WASNVGKCP 49

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 567

(A) LÄNGE: 94 Aminosäuren

35 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

45 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 567:

50

GEGRVWNPEG SKSRHWPDHP APWAPSPRQE QLFSIPSQTS SIFITMTFRE VSQASSRCPT60

IPSGGKRQEN SPRVPVMLLS PSQFRLSRYS YLQP

94

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 568

- 5 (A) LÄNGE: 89 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 568:

20

GLTLKKGTFP RGPEIQADPN LTPCSRTQAH RPLNSNPTSP PPPPTPDFLI SWNAFQDWKS60
PQGSSEPILS PARISSMHPG HAFHISRNK 89

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 569

25

- (A) LÄNGE: 89 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 569:

DVLDLSLNWDG ESSMTGTRGE FSCLFPPEGI VGHLELAWET SLKVIVIKIE LVWEGMENS60
SCLGLGAQGA GWSGQCLDLL PSGFHTRPS 89

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 570

- (A) LÄNGE: 73 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 570:

KSIAHSVIGY FHDFKWFYEE TESSDDVEVL TLKKFKGDLA YRRQEYQVEF NIWCLKWALV60
LSVMAYVNNS VPS 73

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 571

(A) LÄNGE: 40 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 571:

SADSQEIQRR PGLQTTTRVSG RIQHMVLEVG SCFISYGICK

40

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 572

(A) LÄNGE: 60 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

40

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 572:

NKSPLQAPYV EFYLILLSSV GQVSFEFLES QHFNIIITAF C FFIKPLEIMK IAYYRVSYAF60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 573

5

- (A) LÄNGE: 318 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 573:

GNLSLESICN LYNWRYKNLG NLPHVQLLPE FSTANAGLLY DFQLINVEDF QGVGESEPNP 60
YFYQNLGEAE YVVALFMYMC LLGYPADKIS ILTTYNGQKH LIRDIINRRC GNNPLIGRPN120
KVTTVDRFQG QQNDYILLSL VRTRAVGHLR DVRRLLVAMS RARLGLYIFA RVSLFQNCFE180
25 LTPAFSQLTA RPLHLHIPT EPEPTTRKNG ERPSHEVQII KNMPQMANFV YNMYMHLIQT240
THHYHQTL LQ LPPAMVEEGE EVQNQETELE TEEAMTVQA DIIPSPTDTS CRQETPAFER300
ESRPGGEGAI ALGGLGCF 318

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 574

30

- (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 574:

KTPKPPQRNC PFPTGAALTL KGWSFLTAAG VCWTGYDVSL NSHGLFFCFQ LCFLILNFLT60
LFYHSRW 67

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 575

- (A) LÄNGE: 155 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 575:

SLMIMMCSLY QMHVHVYKV CHLGHIFYYL YFMRWSLSIL SSSWERFCWN YMOMKGASCE 60
LTESWSQFKT VLEEGYSGED IKSKSGSRHG HYQATDIPQM AHCPGSYQRK KNIVILLTLK120
SINSCHLVWS SNQWIVSTSS IDDVANKMLL AIICC 155

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 576

- (A) LÄNGE: 57 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 576:

DHLGFISTKM RTNHGVRKGS LEEHKNLKAL GGYHYYISYF HRSDLAKLCI LSLLTFI 57

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 577

- (A) LÄNGE: 48 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 577:

FKFFLMTIFL QNFERKMCSF CCILCKKTAN RGKRTLQIKT ILVSFPQR

48

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 578

(A) LÄNGE: 48 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 578:

LYFFKTLKEK CVLFAASFVR RLPTEEGLY KLRPSWFHFH KDENKSWC

48

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 579

(A) LÄNGE: 48 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 579:

GSFPNTMICS HLCGNETKMV LICKVLFP LL AVFLQRMQQK EHIFLSKF

48

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 580

- (A) LÄNGE: 48 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 580:

HCRIQLGLSP LVGREKTTQV MRNFYSFQEL EEQLLIKPHA LVTKYFYS

48

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 581

- (A) LÄNGE: 59 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 581:

IMPRAPLYRI PLNCNYVLLK SQLVKEELMV SVFVGNTCNT AEFYKGFLW WAGKKPLKS 59

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 582

- (A) LÄNGE: 44 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 582:

GTLRPRSSDV LPIYLCFTTC LLSLTPNIFT YFSNSACHKF AASP

44

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 583

10

(A) LÄNGE: 46 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 583:

NVDSCQTHSL ALIPPLLSSS DIVNNDKQLL CTECFMCCS HFIHMY

46

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 584

30

(A) LÄNGE: 41 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 584:

LYMCIKCEQH IKKHSVHSSC LSLLTISLLE RRGGIRARLC V

41

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 588

50

- (A) LÄNGE: 112 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 588:

GKPLVLHATP LSRCLPLHP TRSLILRPSL HLDPSFHHY LQRCYYAPV YRGPTMTVP 60
SQSNYSSGPK VWLSRAPLPR RGRPFQALPG WWCRRSLGC IVRPGVGVA LL 112

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 589

- (A) LÄNGE: 76 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 589:

GRSREAPAGW PKSTKPPSAR ENPWFSMPHL SPGALCLFTP QEALSYVLLS IYRTPVSITI 60
SRDVAIMRPS TGGARR 76

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 590

- (A) LÄNGE: 97 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 590:

AGLDQKEELR GVRQHQHQGV RYTRGSSDTS SSPEGLGMAC HAGAMERVKA KPWDPKSNLT60
AKAPSSSGTP CRRAHNSYIS GDS DGNWGPI DGEKDVG 97

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 591

(A) LÄNGE: 63 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 591:

NGARLTSQPQ LYQRNHFIQI SQHFQRNTNV YGRVNIRSEN PLEEISVSMF IISAFRGLPV60
WAK 63

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 592

(A) LÄNGE: 50 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 592:

50

NGSFGTVGAV MSTWLHKNP YEIFTVKFNY TCVTADFGGR QGLGLPFYLS

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 593

- (A) LÄNGE: 55 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 593:

AYLFIFLKGK NTFTFSSPE AQTLTYLTTS QLTPLCDHQC GVVRLKDDSG HMTSL 55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 594

- (A) LÄNGE: 41 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 594:

SGDVCTESHG GLSRVKEKEQ QELSLGRWRR GGIDQARPWP W 41

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 595

- (A) LÄNGE: 47 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 595:

FKVGLWKGD I VEGEAVLYT YKWYTPFIHG GQRSSDQVTY VQKVTVA

47

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 596

(A) LÄNGE: 44 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 596:

SVLTTSQRLS SHFKSQIPTR AKVLLDLFHP FSTSLSSTLA APSP

44

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 597:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1651 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 597

GAGCTGCCAA GCAGCCCACC TCCTGGGCTT CCCGAAGTGG CCCCAGATGC AACCTCCACT 60
 GGCCTCCCTG ATACCCCGC AGCTCCAGAA ACCAGCACCA ACTACCCAGT GGAGTGCAC 120
 GAGGGGTCTG CAGGCCCCA GTCTCTCCCC TTGCCTATTG TGGAGCCGGT CAAAAACCCC 180
 5 TGCTCTGTCA AAGACCAGAC GCCACTCCAA CTTTCTGTAG AAGATACCAC CTCTCCAAAT 240
 ACCAAGCCGT GCCACCTAC TCCCACCACC CCAGAAACAT GGGGGGGGGG GGGGGGGGGG 300
 GCGCCGTCACT TACTCCTTG TTCAGCTCAC CTGACCCCTT CCTCCCTGTT CCCTTCCTCC 360
 CTGGAATCAT CATCGGAACA GAAATTCTAT AACTTTGTGA TCCTCCACGC CAGGGCAGAC 420
 GAACACATCG CCCTGCGGGT TCGGGAGAAG CTGGAGGCC TTGGCGTGCC CGACGGGGCC 480
 10 ACCTTCTGCG AGGATTTCAT GGTGCCGGGG CGCGGGGAGC TGAGCTGCCT GCAGGACGCC 540
 ATAGACCACT CAGCTTTCAT CATCTACTT CTCACCTCCA ACTTCGACTG TCGCCTGAGC 600
 CTGCACCAGG TGAACCAAGC CATGATGAGC AACCTCACGC GACAGGGGTC GCCAGACTGT 660
 GTCATCCCCT TCCTGCCCCCT GGAGAGCTCC CCGGGCCAGC TCAGCTCCGA CACGGCCAGC 720
 CTGCTCTCCG GGCTGGTGCG GCTGGACGAA CACTCCAGA TCTTCGCCAG GAAGGTGGCC 780
 15 AACACCTTCA AGCCCCACAG GCTTCAGGCC CGAAAGGCCA TGTGGAGGAA GGAACAGGAC 840
 ACCCGAGCCC TGCGGGAACA GAGCCAACAC CTGGACGGTG AGCGGATGCA GCGGGCGGCA 900
 CTGAACGCGC CCTACTCAGC CTACCTCCAG AGCTACTTGT CCTACCAGC ACAGATGGAG 960
 CAGCTCCAGG TGGCTTTTGG GAGCCACATG TCATTGGGA CTGGGGCGCC CTATGGGGTC 1020
 AGAATGCCCT TTGGGGGCCA GGGGCCCTTG GGAGCCCCGC CACCTTTTCC CACTTGGCCG 1080
 20 GGGTGCCCGC AGCCGCCACC CCTGCACGCA TGGCAGGCTG GCACCCCCC ACCGCCCTCC 1140
 CCACAGCCAG CAGCCTTTC ACAGTCACTG CCCTTCCCGC AGTCCCCAGC CTTCCTACG 1200
 GCCTCACCCG CACCCCTCA GAGCCCAGGG CTGCAACCC TCATTATCCA CCACGCACAG 1260
 ATGGTACAGC TGGGGCTGAA CAACCACATG TGGAAACAGA GAGGGTCCCA GCGCCCCGAG 1320
 GACAAGACGC AGGAGGCAGA ATGACCGCGT GTCCTTGCC TACCACCTGG GGAACACCCC 1380
 25 TGGACCCAGG CATCGGCCAG GACCCCATAG AGCACCCCG TCTGCCCTGT GCCCTGTGGA 1440
 CAGTGAAGA TGAGTCACT TGCCACTTTC AGGACATTGT CCGGGAGCCC TTCATTTAGG 1500
 ACAAACCGG CGCGATGATG CCCTGGCTTT CAGGGTGGTC AGAACTGGAT ACGGTGTTTA 1560
 CAATTCCAAT CTCTCTATT CTGGGTGAAG GGTCTTGGT GTGGGGGTAT TGCTACGGTC 1620
 30 TTTTAATTAT AATAAATATT TATTGAATGC T 1651

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 598:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 35 (A) LÄNGE: 3304 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 598

55

AAACCTCTT GGCTGTCTGC TGTCCAGGGA GTCGCCACTC CCTTCATTAT AGCCTTGCTC 60
 AGAGTGCAGC GGCAGGCCCTG GGGATGGCCT CGGGAGAGGG ACCACAGAGC ACCAGCCTGC 120
 ATGGAACCTC CTTCCTCACT CAGCTTCCCA CGTTGCCAGC TGGGACAGGG GAGATGGAGT 180

AATTTTGCTG TGGAAAGACT TCACGTCTTG CCGAATGAAA GTCCCGCCTG TCTGTACAGC 240
 TGATGCCCCG GCAGCTGTCT GAGCACCCGG AATGGAATGA GTCTATGCAC TCCCTCCGGA 300
 TCAGTGTGGG GGGCCTTCCT GTGCTGGCGT CCATGACCAA GGCCGCGGAC CCCCCTTCC 360
 GCCCCGCTG GAAGGTGATC CTGACGTTCT TTGTGGGTGC TGCCATCCTC TGGCTGCTCT 420
 5 GCTCCACCCG CCCGCCCCC GGCAGGCCCC CCACCCACAA TGCACACAAC TGGAGGCTCG 480
 GCCAGGCGCC CGCCAACTGG TACAATGACA CCTACCCCTT GTCTCCCCA CAAAGGACAC 540
 CGGCTGGGAT TCGGTATCGA ATCGCAGTTA TCGCAGACCT GGACACAGAG CCAACCGCCC 600
 AAGACGAAAA CACCTGGCGC AGCGACCTGA AAAAGGGCTA CCTGACCCTG TCAGACAGTG 660
 GGGACAAGGT GGCCGTGGAA TGGGACAAAG ACCATGGGGT CCTGGAGTCC CACCTGGCGG 720
 10 AGAAGGGGAG AGGCATGGAG CTATCCGACC TGATTGTTTT CAATGGGAAA CTCTACTCCG 780
 TGGATGACCG GACGGGGGTC GTCTACCAGA TCGAAGGCAG CAAAGCCGTG CCCTGGGTGA 840
 TTCTGTCCGA CGGCGACGGC ACCGTGGAGA AAGGCTTCAA GGCCGAATGG CTGGCAGTGA 900
 AGGACGAGCG TCTGTACGTG GCGGGCCTGG GCAAGGAGTG GACGACCACT ACGGGTGATG 960
 TGGTGAACGA GAACCCGGAG TGGGTGAAGG TGGTGGGCTA CAAGGGCAGC GTGGACCACG 1020
 15 AGAACTGGGT GTCCAACTAC AACGCCCTGC GGGCTGCTGC CGGCATCCAG CCGCCAGCTA 1080
 ACCTCATCCA TGAGTCTGCC TGCTGGAGTG ACACGCTGCA GCGCTGGTTC TTCTGCCCCG 1140
 GCCGCGCCAG CCAGGAGCGC TACAGCGAGA AGGACGACGA GCGCAAGGGC GCCAACCTGC 1200
 TGCTGAGCGC CTCCCCTGAC TTCGGCGACA TCGCTGTGAG CCACGTCGGG GCGGTGGTCC 1260
 CCACTCACGG CTCTCGTCC TTCAAGTTCA TCCCCAACAC CGACGACCAG ATCATTGTGG 1320
 20 CCCTCAAATC CGAGGAGGAC AGCGGCAGAG TCGCCTCCTA CATCATGGCC TTCACGCTGG 1380
 ACGGGCGCTT CTGTGTGCGG GAGACCAAGA TCGGAAGCGT GAAATACGAA GGCATCGAGT 1440
 TCATTTAACT CAAAACGGAA AACTGAGCA AGGCCATCAG GACTCAGCTT TTATAAAAAC 1500
 AAGAGGAGTG CACTTTTGTG TTGTTTTGTT CTTTTTGGAA CTGTGCTGG GTTGGAGGTC 1560
 TGGACAGGGA GCCCAGTCCC GGGCCCCATA GTGGTGGGG CACTGGACCC CCGGGCCCCA 1620
 25 CGGAGGCCGC GGTCTGAACT GCTTTCCATG CTGCCATCTG GTGGTGATTT CGGTCACTTC 1680
 AGGCATTGAC TCAAGGCCGT CTAACCTGGC TGGGTGCTTT CTTCCATCCG ACCTCGTTTC 1740
 TTTTCTTTCC TATGTTCTTT TGTTCACTGA ATATCCCTAG AGCTCCTACC ATATGTCAGG 1800
 CCCTATGCCT CACCCTGAGA ACGCAGTGAG CATGAGGTGG ACCTGTTTGC TGGGAACCCC 1860
 AGGTCACCCC CTTTTCTTCC CAAACTTGGT GCCTTGGGAA AATCAGGTCC AGCCCTGAAG 1920
 30 ATCCTTGGGG AAGAAAATGT TTATGTTGCA GGGTATTGCA TGGTCACGAG TGAGGGGCAG 1980
 GCCCCTGGGG GACACATCTG CCCACAGCTG CACAGGCCAG GGGCAGAGGC ACATCTGTG 2040
 GTTCTCAGGC CTCAGATAAA ACCATCTCCG CATCATATGG CCAGTGACCG CTTTCTCCCT 2100
 TCAAGAAAAAT TCTGTGGCTG TGCACTACTT TGAAGTTTAA ATTATTAACC TGCTTTAATT 2160
 AAAGCAGTTT CCTTCTTAT AAAGTGGAA CACCAAATCT TATCACACAG AGCACAGTCC 2220
 35 TGATGTTACC CAGCCCGCTC CAGCAGTGCG GGAGATTGTA AGGAAGCGGT GCGCGCTGGT 2280
 GAAGCAAGTC TCACATGTCG GCGTTCTTGG CCAATGGATA CAAAGATAAA GAAATGTTG 2340
 CCTTTTCTA GGAAGTGTCA GAAATCCTCA TGCCTTTCAA GACTTCTGTG AATGACTTGA 2400
 ATTTTTTATT CCCTGCCTAG GGTCTGTGAA CGAGGCCTGT CTCTTCCCTG GGGTTTCTTT 2460
 CCATGGCCTT TATTTCTCCT CTTCCAGTGG GAGTTTGGCA GGCTCTTCTC TGTGGAACT 2520
 40 TCACGAGCGT TGGCTGGGCC TCGGCTTCGC TGGAGTGTAC TCCAGGGTGA AGGCAGAGTG 2580
 GGATTTGAGA CCCAGGTTAG GCACGACCCA GGCTGAGAAG GGACGTTTCC ATCATTCACA 2640
 GTGCCCTCCC CACAGCAACT ACCTCACCCC GACCCCCACC CTCACCTCTA CCCCACCCCG 2700
 CGATCGTCAG GGGTGCCACG GTGGGCCGGA GGGTGCCGGC TCTGGCTGTC CCTGTGCCGG 2760
 TCCCTCACAA ACCTCTCCCC CTTTGAACCT CAAGCACAGC TGCGAGGAGG GCAGCGAGGA 2820
 45 GGGACCCCTC TCTCATGGTT GTCTCTTTCC CCCGCTATGT CATAGGTAGT GGAGGAAGCG 2880
 AAGGAAGTGA ACGCTGAATG TGACGCATTT CTGAAGAGCT CAGCTGTCAC CGGGCATAGC 2940
 CTGGAAGCCC CAAGTCTGTT CTGACTTTGC CTGGCTGTCT CCTTGACCCG CCTCCTAGAT 3000
 CATTGTCTTT GATGTCCAGG CTGGGTCAAT TAAAATAGAG ATGCAATCAG GAAGGTTGGG 3060
 GGAATTGGGA CTGTGGCTGA ATTGAGACCT TGCTGATGTA TTCATGTCAG CACCTGAGTC 3120
 50 ACAGCCCAGG TGCCCGGAAG CAGCCTCTTC GCATAGGCAG TGATTTGCGA TTAATTTAAA 3180
 GCTCACCTTT TTTCTTCCC TCTCTGTTCC CTGCTGTCAG CATAATGATT GTGTTCTTTC 3240
 CCTATGGGAT CCATCTGTTT TGTAACAAT AAAGCGTCTG AGGGAGTGTA AAAAACAGAT 3300
 GGAT 3304

55 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 599:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 878 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 599

20 GCGGCCGCGC CAGTCTCGCT TCATGACGCA GCCGGTGACC TTCGACGAGA TCCAGGAGGT 60
GGAGGAGGAG GGGGTGTCCC CCATGGAGGA GGAGAAGGCC AAGAAGTCGT TCCTGCAGAG120
CCTGGAGTGC CTGCGCCGCA GCACGCAGAG CCTGTCGCTG CAGCGGGAGC AGCTCAGCAG180
CTGCAAACTG AGGAACAGCC TGGACTCCAG CGACTCCGAC TCGGCCCTGT AAGGGGCGCC240
GCCCCGCGGG GGGACGCGCG CGTCCGCGGT CCGCGCGGGG ACCGGCGTGT GAACCCCGAG300
AGTGCCCGCG CCCTGCTCCC GGGGGACCCG CAAGGACCCG GGACCGCCGC TCCTCGCGCG360
CTCGGACTCC CGCCCCGCTG CGAACC GGTC GGTGCGCCCC TCGCCGCGCT CGCCCTGGCC420
25 CGGGAGCGCC GGGAGCGGG CCGCTTTTCT CGTCCTTGTA AATGTTTATT TTTTAACTCT480
TCCCAGTGCG AACTCTGCTG TGAGTGTGTG CGGGGAGGCG CGCCCGCGCT GAGTCGGCGG540
CGGGTAGCCA CTCCATGCCC TTGTCCGATG GTTTGCAACT CCGATTTTGC ACACCGCTCC600
ACCGTGCCCC CCAGCGCACA CCCATTCACA CTCACGCCAA CACTCTCGCT GAACACTTTT660
ATAATTGTTA GGCCTGGCCG TTGGGACTTT GGGCGCAGCG CGGCTGCTAC TGCGTCTGGA720
30 GGATTGATAT TTATTTTTCG ATTGCGATGG CTGAAGGCAT TTATTTAACG ATCTTTTAC780
CTGGATATGT CTGTGAGGCT CCTGAAAGGA GACAAATAAA GTCAATATAT TTGCACAGTG840
CAAAAAAAAA AAAGAAAGAA AAGAGAAGGT TCGAGAAA 878

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 600:

35

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2760 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

40 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

45 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

50 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 600

CACCCAACCT GTGTTGTTG^c CGCCCGGCC TTNCTCCAC AGNTCTNCTT NCTNCCGCC 60
 5 GGCACCTCTG TGGACCCCTT NTTAGTTCAC AGGCACGNT GGGGCCGGTC TGTGCTGGCG 120
 NCTGCTGGCC ACTGAGGGAC AGGGACACGT GCCACCTGCT CATCTCTGCC CTGAGGTCAC 180
 CCCGTGGTCC CTCCACGTGC CCATCTCTCT GCAGTGCCCT CCTCGCCTGT GCAGCCCGCC 240
 CACCCACAGG CTCACCCCTC CTGCCGGCTG CCAGAGGCC CCTCCAGCAG GGCTCTCTC 300
 CGTNGCCCCA GTTCACTCT CTCCCTCAGC ACCTGCCCTG CTGGAGGCC CAGCCCTCCG 360
 10 TGGACAGCAG GGGCCACGTG GAGCCCGGGC CGCTCACCCG CCACCCAGTG CTGGCCCGCT 420
 TCTTGGTGCC AAACCCCTT CCCCCACCA GAGACTGGGC AGCTGTGTCT GGTTCGTTCT 480
 TTGCACTAAC CACATTTGTC ATCTCTAGGG CAGGCTGGGG CTGCGGGCTG AGGGGGACCG 540
 CTGGCACCCC CTTCCCTCC CTTCTGGTT CCATTTCCAT CCATGACAGG TACAGCATCC 600
 CAGGAGCCCG GCCTGAGGGG CTGGACCCGA GCCGGCTGTG AACATCCCTC AGCCCTCGCT 660
 15 GTCCCCCTT GGGACTAACC ACTAACCCTCA CCCCCAACT CCACGGGTGC CCCTAGCTGG 720
 CCCAGAGCCG GCAGTGTGAG CCCAAGTCCG GGCTGGAGCC GAGGCCGGAG CAGCTGTCTG 780
 GGAGTCAAGG CTGCAGTAGC GTTCTTCAT GGGGTGCTCC AGGGGGTGCC ACAGACCGAC 840
 AGGCAGCCCA AGGGCTGGA CACCCCTCCC CAGGCAGGTG CTGCCCCAGG AGGACTGTCC 900
 TCGGGAATGA ACCTCCCGCG GGCTTTGGAC TGAGGTCCCT GTGGCCTCGG TCTCCTCCCC 960
 20 ATGAAGTGGG AGCGAGGCTC CCCAATGGTG CTTTGGCTT TAGTGACGA TGTTTGCTGT1020
 GCTTCCCGCC GTGGAGGGCA GAGCCACCCC ACATCAGGAT CGGACGTGCT ACCCTCCCG1080
 GTCCCGGCC TGGCCAGCC AGCCAGCCC TCGAGGCTCG ATGCCTGTGC CAAGGCCAGG1140
 GGCAGCCAGA GGGCAGCTGG ATGGCCAGCT GCAGGGGTCA AGGCTGGGCC CTGCAGTGGG1200
 GCGGGCCGCC AGCCCCAGCA GTTTACAGAC GCATGGCTCT TCCTCCAGA GCAGCCGGCA1260
 25 GCTACCTGGA CCGGAAATGT CCTCATCCCC TCCCTGGGGC CAGGCTCTGC CCTGGCCTTC1320
 CTCTGTGAAC CCCTCCTTC TTTGTGCTGG TGTCTGGGAC CAAAAAGGGG GAATATGGGA1380
 GGGCAGAGTG GGGAGGGGAG TCCATGGGCC TGGGGCCCCA AGCCGGGGCG TCTGAGCTCC1440
 CCAGGCATGA CCAAACCTCA GTGGAGGGGC CTCTGCTTCA GGCCCCGCTT GGCTGACATT1500
 CTGAGCCCCC CTCGGAGGCC CCGCCACAGC CAACCTGCCC AGTCTTTCTT CTGGGCTTGA1560
 30 CCGCCAGGG GAGTTCTCCA GGCCTAGGGC CAGGAGAGAG GCCCTGGCAC CCTGGCGTGG1620
 GTGCCCCCA AACGCCCTGC GACCGCTACA GAAGCACAAA TGCTGTCCAT GGCCGTGAGG1680
 CTGCCTGCCA GGTGAATGGA CATAGCGTGA GAGCGGGTGA GGCCAGGGCT TCCAGCCTCG1740
 TGCTGTCTCG GGA^cCTCTGA CCGTGGTGTG CGTGTGTGCC CGTCTGTGAC TTTCTACTCA1800
 CCAAGTTGA AGAAAGGAAA CGGGGA^aAT CAAAAGGGGT TCAAACCCA CCTCAGTAGG1860
 35 TGGAGGGGAG CGCCTGCCAT TGGTTGTATT TTTGTTCTGA GTTTTCGGTG CCGTGTTCCT1920
 AACTACTCCA TCCCATGACC TCGCCACACC TACTGGGGCA TCTGGCTGGT GCCTGCTGCC1980
 ATGGCCAGCC CCCACTTCTC ACCCTGCACA GGGGGTCTTG CAGCCCCAG GCCACAGCC2040
 TCGTTGGGAG GACAGGGTGG CCCTGGGGAC AAGAGGGAGG AGCCAGGGG CTTACCTCAC2100
 TGAGAGTGCT CCCAGCAGG CATCCACTAC CCCAGGGCCC CCCACATGTC ATGGCAAGG2160
 40 TGGTAGTGAA TGGCCTGGT TGGGAGCAGC CCCTGGCCCA TTGGCCACC ACCCATCTCA2220
 CTATGCAATT CGAGTTCCAA GCAACATTTG CTCCTGCCCT GGGGCCAGCT CTGCCCCAGC2280
 CCTGAGAGGG GTGGTGAGGC AGCCCCCTGG ACCCCAGAAC CCCAGACAAG GGGGCAGGCG2340
 GGGGACCAGG GCCTCTCTG TGGGATCTTT GTTTGTGTT TAACCATAAT GGTGTGTAC2400
 TGAACCACTT CATATTTGTT ATATATAATA TATATATATA TAATCTCCTT AAGACTCAGC2460
 45 CTCCTGGTTT ACCCCCCCGG CCTGGGCATC TGACCTCCCC CACCCAGTG TGATTTAACA2520
 TCCAGGA^aCT GAGGCCTGAA CCATTTTGCA TTTCCCCCTC CTCCAGCCTC TGAGGGCCA2580
 TGGCTGTATG TACTGTCGCT GTGTTTTTTT GTTTTTTTAG AACTGGGTTT GGGGGCTGAT2640
 TTTTATTTCT TTGGGGGCTT TTTTCTTGG CAAATACTAA AAATCTCGTC AATGTAATTT2700
 CTGTGGTTTC TATTCAGCTT GGGTTTCATG TTTTAAATA AATTTTAAAA AGCAAAAAA2760

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 601:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1021 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 601

```

15  GCGGGGGCCG CGAGAGCAGT AGGTGTTAGC AGCTTGGTCG CGACAGGGGC GCTAGGTAGA 60
    GCGCCGGGAC CTGTGACAGG GCTGGTAGCA GCGCAGAGGA AAGGCGGCTT TTAGCCAGGT 120
    ATTTCAAGTGT CTGTAGACAA GATGGAATCA TCTCCATTTA ATAGACGGCA ATGGACCTCA 180
    CTATCATTGA GGGTAACAGC CAAAGAACTT TCTCTTGTCA ACAAGAACAA GTCATCGGCT 240
    ATTGTGGAAA TATTCTCCAA GTACCAGAAA GCAGCTGAAG AAACAAACAT GGAGAAGAAG 300
20  AGAAGTAACA CCGAAAATCT CTCCCAGCAC TTAGAAAAGG GGACCCTGAC TGTGTTAAAG 360
    AAGAAGTGGG AGAACCCAGG GCTGGGAGCA GAGTCTCACA CAGACTCTCT ACGGAACAGC 420
    AGCACTGAGA TTAGGCACAG AGCAGACCAT CCTCCTGCTG AAGTGACAAG CCACGCTGCT 480
    TCTGGAGCCA AAGCTGACCA AGAAGAACAA ATCCACCCCA GATCTAGACT CAGGTCACCT 540
    CCTGAAGCCC TCGTTCAGGG TCGATATCCC CACATCAAGG ACGGTGAGGA TCTTAAAGAC 600
25  CACTCAACAG AAAGTAAAAA AATGGAAAAT TGTCTAGGAG AATCCAGGCA TGAAGTAGAA 660
    AAATCAGAAA TCAGTGAAAA CACAGATGCT TCGGGCAAAA TAGAGAAATA TAATGTTCCG 720
    CTGAACAGGC TTAAGATGAT GTTTGAGAAA GGTGAACCAA CTCAAACTAA GATTCTCCGG 780
    GCCCAAAGCC GAAGTGCAAG TGGAAGGAAG ATCTCTGAAA ACAGCTATTC TCTAGATGAC 840
    CTGGAAATAG GCCCAGGTCA GTTGTCTATCT TCTACATTTG ACTCGGAGAA AAATGAGAGT 900
30  AGACGAAATC TGGAACCTCC ACGCCTCTCA GAAACCTCTA TAAAGGATCG AATGGCCAAG 960
    TACCAGGCAG CTGTGTCCAA ACAAAGCAGC TCACCGACTA TACCAATGAG CTGAAGCCAG 1020
    G

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 602:

35

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2889 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

40

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

50

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 602

```

GATCAGGCCT GTGGTCCAGC TCACTGCCAT TGAGATTCTA GCTTGGGGCT TAAGAAATAT 60
GAAAAACTTC CAGATGGCTT CTATCACATC CCCCAGTCTT GTTGTGGAGT GTGGAGGAGA 120
5 AAGGGTGGAA TCGGTGGTGA TCAAAAACCT TAAGAAGACA CCCAACTTTC CAAGTTCTGT 180
TCTCTTCATG AAAGTGTCTT TGCCCAAGGA GGAATTGTAC ATGCCCCCAC TGGTGATCAA 240
GGTCATCGAC CACAGGCAGT TTGGGCGGAA GCCTGTCGTC GGCCAGTGCA CCATCGAGCG 300
CCTGGACCGC TTTCGCTGTG ACCCTTATGC AGGGAAAGAG GACATCGTCC CACAGCTCAA 360
AGCCTCCCTG CTGTCTGCCC CACCATGCCG GGACATCGTT ATCGAAATGG AAGACACCAA 420
10 ACCATTACTG GCTTCTAAGC TGACAGAAAA GGAGGAAGAA ATCGTGGACT GGTGGAGTAA 480
ATTTGATGCT TCCTCAGGGG AACATGAAAA ATGCGGACAG TATATTGAGA AAGGCTATTC 540
CAAGCTCAAG ATATATAATT GTGAAGTAGA AAATGTAGCA GAATTTGAGG GCCTGACAGA 600
CTTCTCAGAT ACGTTCAAGT TGTACCGAGG CAAGTCGGAT GAAAATGAAG ATCCTTCTGT 660
GGTTGGAGAG TTTAAGGGCT CCTTTCGGAT CTACCCTCTG CCGGATGACC CCAGCGGCCG 720
15 AGCCCTCCC AGACAGTTTC GGGAAATACC TGACAGCGTC CCACAGGAAT GCACGGTTAG 780
GATTTACATT GTTCGAGGCT TAGAGCTCCA GCCCCAGGAC AACAATGGCC TGTGTGACCC 840
TTACATAAAA ATAACACTGG GCAAAAAAGT CATTGAAGAC CGAGATCACT ACATTCCCAA 900
CACTCTCAAC CCAGTCTTTG GCAGGATGTA CGAACTGAGC TGCTACTTAC CTCAAGAAAA 960
AGACCTGAAA ATTTCTGTCT ATGATTATGA CACCTTTACC CGGGATGAAA AAGTAGGAGA1020
20 AACAATTATT GATCTGGAAA ACCGATTCCCT TTCCCGCTTT GGGTCCCACT GCGGCATACC1080
AGAGGAGTAC TGTGTTTCTG GAGTCAATAC CTGGCGAGAT CAACTGAGAC CAACACAGCT1140
GCTTCAAAAT GTCGCCAGAT TCAAAGGCTT CCCACAACCC ATCCTTTCCG AAGATGGGAG1200
TAGAATCAGA TATGGAGGAC GAGACTACAG CTGGATGAA TTTGAAGCCA ACAAATCCT1260
GCACCAGCAC CTCGGGGCCC CTGAAGAGCG GCTTGCTCTT CACATCCTCA GGACTCAGGG1320
25 GCTGGTCCCT GAGCACGTGG AAACAAGGAC TTTGCACAGC ACCTTCCAGC CCAACATTC1380
CCAGGGAAAA CTTGAGATGT GGGTGGATGT TTTCCCAAG AGTTTGGGGC CACCAGGCC1440
TCCTTTCAAC ATCACACCCC GGAAAGCCAA GAAATACTAC CTGCGTGTGA TCATCTGGAA1500
CACCAGGAC GTTATCTTGG ACGAGAAAAG CATCACAGGA GAGGAAATGA GTGACATCTA1560
CGTCAAAGGC TGGATTCTTG GCAATGAAGA AAACAAACAG AAAACAGATG TCCATTACAG1620
30 ATCTTTGGAT GGTGAAGGGA ATTTAACTG GCGATTTGTT TTCCCGTTT ACTACCTTCC1680
AGCCGAACAA CTCTGTATCG TTGCGAAAAA AGAGCATTTT TGGAGTATTG ACCAAACGGA1740
ATTTCGAATC CCACCCAGGC TGATCATTTCA GATATGGGAC AATGACAAGT TTTCTCTGA1800
TGACTACTTG GGTTCCTAG AACTTGACTT GCGTCACACG ATCATTCTCG CAAAATCACC1860
AGAGAAATGC AGGTTGGACA TGATTCCGGA CCTCAAAGCC ATGAACCCCC TTAAAGCCAA1920
35 GACAGCCTCC CTCTTTGAGC AGAAGTCCAT GAAAGGATGG TGGCCATGCT ACGCAGAGAA1980
AGATGGCGCC CGCGTAATGG CTGGGAAAGT GGAGATGACA TTGGAAATCC TCAACGAGAA2040
GGAGGCCGAG GAGAGGCCAG CCGGGAAGGG GCGGGACGAA CCCAACATGA ACCCAAGCT2100
GGACTTACCA AATCGACCAG AAACCTCCTT CCTCTGGTTC ACCAACCCT GCAAGACCAT2160
GAAGTTCATC GTGTGGCGCC GCTTTAAGTG GGTGATCATC GGCTTGCTGT TCCTGCTTAT2220
40 CCTGCTGCTC TTCGTGGCCG TGCTCCTCTA CTCTTTGCCG AACTATTTGT CAATGAAGAT2280
TGTAAGCCAA AATGTGTAAC AAAGGCAAAG GCTTCATTTT AAGAGTCATC CAGCAATGAG2340
AGAATCCTGC CTCTGTAGAC CAACATCCAG TGTGATTTTG TGTCTGAGAC CACACCCAG2400
TAGCAGGTTA CGCCATGTCA CCGAGCCCCA TTGATTCCCA GAGGGTCTTA GTCCTGGAAA2460
GTCAGGCCAA CAAGCAACGT TTGCATCATG TTATCTCTTA AGTATTAAAA GTTTTATTTT2520
45 CTAAAGTTTA AATCATGTTT TTCAAAATAT TTTTCAAGGT GGCTGGTTCC ATTTAAAAAT2580
CATCTTTTTA TATGTGCTCT CGGTTCTAGA CTTGAGCTTT TGGAATTTGC TAAATAGAAT2640
TCAAAAATCT CTGCATCCTG AGGTGATATA CTTGATTTT GTAATCAACT GAAAGAGCTG2700
TGCATTATAA AATCAGTTAG AATAGTTAGA ACAATTCTTA TTTATGCCCA CAACCATTCG2760
TATATTTTGT ATGGATGTCA TAAAAGTCTA TTTAACCTCT GTAATGAAAC TAAATAAAAA2820
50 TGTTCACCT TAAAACATA GGGGGGGTGG TCGGGGGGTC GGGAGGGGGG GGGGTGGTGT2880
GGGGTGTGG
2889

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 603:

- 55 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- (A) LÄNGE: 3638 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 603

```

AGAGTTTCAG TTTTGGCAGC AGCGTCCAGT GCCCTGCCAG TAGCTCCTAG AGAGGCAGGG 60
GTTACCAACT GGCCAGCAGG CTGTGTCCCT GAAGTCAGAT CAACGGGAGA GAAGGAAGTG 120
GCTAAACAT TGCACAGGAG AAGTCGGCCT GAGTGGTGCG GCGCTCGGGA CCCACCAGCA 180
20 ATGCTGCTCT TCGTGCTCAC CTGCCTGCTG GCGGTCTTCC CAGCCATCTC CACGAAGAGT 240
CCCATATTTG GTCCCAGAGG GGTGAATAGT GTGGAAGGTA ACTCAGTGTC CATCAGCTGC 300
TACTACCCAC CCACCTCTGT CAACCGGCAC ACCCGGAAGT ACTGGTGCCG GCAGGGAGCT 360
AGAGGTGGCT GCATAACCCCT CATCTCCTCG GAGGGCTACG TCTCCAGCAA ATATGCAGGC 420
AGGGCTAACC TCACCAACTT CCCGGAGAAC GGCACATTG TGGTGAACAT TGCCCAGCTG 480
25 AGCCAGGATG ACTCCGGGCG CTACAAGTGT GGCCTGGGCA TCAATAGCCG AGGCCTGTCC 540
TTTGATGTCA GCCTGGAGGT CAGCCAGGGT CCTGGGCTCC TAAATGACAC TAAAGTCTAC 600
ACAGTGGACC TGGGCAGAAC GGTGACCATC AACTGCCCTT TCAAGACTGA GAATGCTCAA 660
AAGAGGAAGT CTTGTACAA GCAGATAGGC CTGTACCCTG TGCTGGTCAT CGACTCCAGT 720
GGTTATGTGA ATCCCAACTA TACAGGAAGA ATACGCCTTG ATATTAGGG TACTGGCCAA 780
30 CGACTGTTCA GCGTTGTCTAT CAACCAACTC AGGCTCAGCG ATGCTGGGCA GTATCTCTGC 840
CAGGCTGGGG ATGATTCCAA TAGTAATAAG AAGAATGCTG ACCTCCAAGT GCTAAAGCCC 900
GAGCCCGAGC TGGTTTATGA AGACCTGAGG GGCTCAGTGA CCTTCCACTG TGCCCTGGGC 960
CCTGAGGTGG CAAACGTGGC CAAATTTCTG TGCCGACAGA GCAGTGGGGA AAACGTGAC1020
GTGTCGTCA ACACCCTGGG GAAGAGGGCC CCAGCCTTTG AGGGCAGGAT CCTGCTCAAC1080
35 CCCCAGGACA AGGATGGCTC ATTCAGTGTG GTGATCACAG GCCTGAGGAA GGAGGATGCA1140
GGGCGCTACC TGTGTGGAGC CCATTCCGAT GGTCAGCTGC AGGAAGGCTC GCCTATCCAG1200
GCCTGGCAAC TCTTCGTCAA TGAGGAGTCC ACGATTCCCC GCAGCCCCAC TGTGGTGAAG1260
GGGGTGGCAG GAGGCTCTGT GGCCGTGCTC TGCCCTACA ACCGTAAGGA AAGCAAAGC1320
ATCAAGTACT GGTGTCTCTG GGAAGGGGCC CAGAATGGCC GCTGCCCCCT GCTGGTGGAC1380
40 AGCGAGGGGT GGGTTAAGGC CAGTACGAG GGCCGCTCT CCCTGCTGGA GGAGCCAGGC1440
AACGGCACCT TCACTGTCTAT CCTCAACCAG CTCACCAGCC GGGACGCCGG CTTCTACTGG1500
TGTCTGACCA ACGCGGATAC TCTCTGGAGG ACCACCGTGG AGATCAAGAT TATCGAAGGA1560
GAACCAAACC TCAAGGTACC AGGGAATGTC ACGGCTGTGC TGGGAGAGAC TCTCAAGGTC1620
CCCTGTCACT TTCCATGCAA ATTCTCCTCG TACGAGAAAT ACTGGTGCAA GTGGAATAAC1680
45 ACGGGCTGCC AGGCCTGCC CAGCCAAGAC GAAGGCCCCA GCAAGGCCCT CGTGAAGTGT1740
GACGAGAACA GCCGCTTGT CTCCTGACC CTGAACCTGG TGACCAGGGC TGATGAGGGC1800
TGGTACTGGT GTGGAGTGAA GCAGGGCCAC TTCTATGGAG AGACTGCAGC CGTCTATGTG1860
GCAGTTGAAG AGAGGAAGGC AGCGGGGTCC CGCGATGTCA GCCTAGCGAA GGCAGACGCT1920
GCTCCTGATG AGAAGGTGCT AGACTCTGGT TTTCGGGAGA TTGAGAACAA AGCCATTTCAG1980
50 GATCCCAGGC TTTTTCGAGA GGAAGGGCG GTGGCAGATA CAAGAGATCA AGCCGATGGG2040
AGCAGAGCAT CTGTGGATTC CGGCAGCTCT GAGGAACAAG GTGGAAGCTC CAGAGCGCTG2100
GTCTCCACCC TGGTGCCCTT GGGCTGGTGT CTGGCAGTGG GAGCCGTGGC TGTGGGGGTG2160
GCCAGAGCCC GGCACAGGAA GAACGTGCAG CGAGTTTCAA TCAGAAGCTA CAGGACAGAC2220
ATTAGCATGT CAGACTTCGA GAATTTGGAG CCAATGACAA CATGGGAGCC2280
55 TCTTCGATCA CTCAGGAGAC ATCCCTCGGA GGAAGAAAG AGTTTGTGTC CACCACTGAG2340
AGCAACACAG AGACCAAAGA ACCCAAGAAG GCAAAAGGT CATCCAAGGA GGAAGCCGAG2400
ATGGCCTACA AAGACTTCCT GCTCCAGTCC AGCACCGTGG CCGCCGAGGC CCAGGACGGC2460
CCCCAGGAAG CTTAGACGGT GTCGCCGCTT GCTCCCTGCA CCCATGACAA TCACCTTCAG2520
AATCATGTCT ATCCTGGGGC CCTCAGCTCC TGGGGACCCC ACTCCCTGCT CTAACACCTG2580

```

```

CCTAGGTTTT TCCTACTGTC CTCAGAGGCG TGCTGGTCCC CTCCTCAGTG ACATCAAAGC2640
CTGGCCTAAT TGTTCTTATT GGGGATGAGG GTGGCATGAG GAGGTCCCAC TTGCAACTTC2700
TTTCTGTTGA GAGAACCTCA GGTACGGAGA AGAATAGAGG TCCTCATGGG TCCCTTGAAG2760
GAAGAGGGAC CAGGGTGGGA GAGCTGATTG CAGAAAGGAG AGACGTGCAG CGCCCCCTCTG2820
5  CACCCCTTATC ATGGGATGTC AACAGAATTT TTCCCTCCA CTCCATCCCT CCTCCCGTC2880
CTTCCCCTCT TCTTCTTTCC TTACCATCAA AAGATGTATT TGAATTCATA CTAGAATTCA2940
GGTGCTTTGC TAGATGCTGT GACAGGTATG CCACCAACAC TGCTCACAGC CTTTCTGAGG3000
ACACCAGTGA AAGAAGCCAC AGCTCTTCTT GCGGTATTTA TACTCACTGA GTCTTAACTT3060
TTCACCAGGG GTGCTCACCT CTGCCCCTAT TGGGAGAGGT CATAAAATGT CTCGAGTCCT3120
10 AAGGCCTTAG GGGTCATGTA TGATGAGCAT ACACACAGGC ATGAGCCACT GAGCCTGGCC3180
CAGAAGCGTT TTTCTCAAAG GCCCTCAGTG AGATAAATTA GATTTGCCAT CTCCTGTCTT3240
GGGCCAGGGA TCTCTCTACA AGAGCCCCTG CCCCTCTGTT GGAGGCACAG TTTTAGAATA3300
AGGAGGAGGA GGGAGAAGAG AAAATGTAA GAGGGAGAT CTTTCCCAGG CCGCACCATT3360
TCTGTCACTC ACATGGACCC AAGATAAAAG AATGGCCAAA CCCTCACAAC CCCTGATGTT3420
15 TGAAGAGTTC CAAGTTGAAG GGAAACAAAG AAGTGTGTTGA TGGTGCCAGA GAGGGGCTGC3480
TCTCCAGAAA GCTAAAATTT AATTTCTTTT TTCCTCTGAG TTCTGTACTT CAACCAGCCT3540
ACAAGCTGGC ACTTGCTAAC AAATCAGAAA TATGACAATT AATGATTAAA GACTGTGATT3600
GCCACCAAAA AAAAAAAAAA AGACGAAAAG AAAAAGGG 3638

```

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 604:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 25 (A) LÄNGE: 2775 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

30 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 40 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 604

```

ATAGGTTTGG ACCTTTCTTG GTAGAATTAC TGCCCTAATT TTGTTCCACT GATACTAGAA 60
45 ACGGTCTGAT GTTAGAGCTG GAAGGGATCT GTAGTATCAC GCAGTCCGAT TCTCTAATTT 120
TCCACATGAG AAAATGAAGG TCCAGAGGAA GCAGAGACTT AACTCACAAA TCAGAAAAGC 180
GGTTCTTGCA GAACTGAGGC CATAGTGAGG ACTTTCTGCT TTCCACCATA CCACCTTGCC 240
AGTCCACACA AGAGGGGAGGA TGTATTTTGG GGGGCATACA CTGAGGATGG AGAAAGATGG 300
CATCAGAACT GCTGGGTGAA GTGGTGGCTT AACTGGACTT TGACAGCTGC CTTTTGAAAA 360
50 CCCCAAACT AAACACACTG CATGTAATCA AAAGATGCTT ATACTAATAA TGACCTGTGC 420
TGTTCCCACT CAGTTGCTCT CTGTTTTCGA GAAGACATGA GAAGCTGCAA CATGACCTGG 480
AGTGGAACTG GAGAGTCACA TTTTGTGTTT AGCCACCTGC TGGGCAGCAG AGCGACTGCA 540
CCTTCCCAGA AGGCTGAAGT GTCGTGTGTC TGCACTCCAG TGGCATCTCT GCAGTGGTCA 600
GAGTGACCTG GTATAAGGGA GAGGGCATCA CCTTGCCCCC TGTGCTGACT CCTGCCCTTC 660
55 CCCTACAGGA GAGTCCATCC CGATCCGGCT CTTCTGGGCC GGGTATGAGC TCACGCCCCA 720
CATGCGGGAC ATCAACAAGA AGTTCTCTGT GCGCTATTAC CTCAACCTGG TGCTGATAGA 780
CGAGGAGGAG CGGCCTACT TCAAGCAGCA GGAAGTGGTG TTGTGGCGGA AGGGTGACAT 840
CGTACGGAAG AGCATGTCCC ACCAGGCGGC CATCGCCTCA CAGCGCTTTG AGGGCACCAC 900

```

CTCCCTGGGT GAGGTGCGGA CCCCCAGCCA GCTGTCTGAC AACAACTGCA GGCAGTAGGC 960
 CCCCAGGGCC GAGAAAGATGC TGGGCACCCA CCCAGCACCC CCATCTACCA ACACCAGCGG1020
 CTGGGGGCGG GGGCGGACCT TGTGAGGCTC AGTTGACCCG TTA CTGTGCAA CCTGAAAACA1080
 AATCATGTTT TTGACTTAAA TTCTTTTCTC TGGAGAACCC AAGGGGCTTG GGGTGGGAAG1140
 5 CAGTCTCTCC TTGGGATTCT GCGGCCGATG TGGGATAGAA GAGGTAGCAT CCTGGAAGCC1200
 AGCCTCTCTG GGGAAACATGA GCCCCTTCC TCGGGGGGCT GCCTTGCGTC TTAGAGGAGG1260
 GAGAGCAGAG AGCACGCATC CTGGCTCCT GGCTCTCTGA GCTTCCTGAT ACAGGATCTG1320
 AGCATGTCCC TGGGATTCTG AGCTGCCAAC AGGGCCCTGG GTAGTCACAT CTGTACTCC1380
 CCTTTGCTGT CCCGGAGGTA GTGGCAGGAG TTGGGCCAGC CCCCCTAAG TGGCAGGGGA1440
 10 AGACTCACGA TTGGGAAGCT ACCTCTTTGG GAATCTTGGA TGTGGTGATC TCAAGTTCCC1500
 ACAGGCACCC TCCTTCTGGC CACTACTGTC TGGGACCCAG GCACCTCCCT TCTCCACTCT1560
 CTCTGGATTG TCAGTAATGT CCTGGAACAG AAGCCTGTAG GATGGCCTTG GGCACGGAGA1620
 AGCCCTGGGG TCAGTGTCGT GCACGGATGG CGGCAGTGT GAACCCAGGA GGCTGAACCC1680
 GGCCCAACCAC GGAAGATGAG TGCATGGCAA CCGCCTGCCT TCACGTCGCT CCACCTGGTA1740
 15 ACCCAAGGT CTGGGCTGTT CTAGGTATTG CTTCACGTGC CCCAGCAAGC CCTTAACAAG1800
 AGGGCCTGGT TCCCTGAAGA ACCAATCCCA GGAAGGGGCC TTGATCCCTC CGCCTTGCTG1860
 AGAGTGAACC CTCGTCTCTC CTCACCTCC ATTTCAATTC TGGGAATTGG GGCTTAGTTT1920
 CGAACCTTTG GCAAGGCTGT TCTTACTAAT GCCCAAGCCC CTTTACCCCT CTCCCTATAG1980
 GTTACACAGG GGAGACCAGG GCCTCGGCAG AAGACTGCTG CCACACTTCC GAATCATTCT2040
 20 GCTTGCCAAA TAGGTCATCT TCACCAAGTT ACTGACCCAA GTTTAGGACC ATTGGTATCG2100
 TGTGTTTAAA AAACACATAT AAAAAAACTC TTGTGAATAT TCTTGTTATG CTAGAGAGGA2160
 AGGTACTTCT CCCTCTACGG CTCTGCGCTG GGGCCTATGG TAGTAAAGTT GTTTACTGTC2220
 CTTTTTCTGC TTTCCCTGGA AATGACAGGC ATTACTCTCC CATTGGCCTC CCTTCCCTTT2280
 ATAGAAAGAC CAAGCAGGCC CCACTGGCCA AGAGGTACGG TATTTGGCAG TCTGAGTTCT2340
 25 CAGTAATTTG GAAAGTTAAG GAGTTGGTTC CTGTGTCACC TTTCAAGTTAG TGTGGGAAAG2400
 GAAGACTTCT GTTTTCTCTG GATCAGTGCA GTCTCAGGCC TTTGGCAGGG CTCATGGATC2460
 AGAGCTGAGA CTGGAGGGAG AGGCATTTTC GGTAGCCTAG GAGGGCGACT GGCGGCAGCA2520
 GAACCGAGGA AGGCAAGGTT GTTTCCCCCA CGCTGTGTCC TGTGTTTCAGG TGCGACACAC2580
 AATCCTCATG GGAACAGGAT CACCCATGCG CTGCCCTTGA TGATCAAGGT TGGGGCTTAA2640
 30 GTGGATAAGG GAGGCAAGTT CTGGGTTTCT TGCCTTTTCA GAGCATGAGG TCAGGCTCTG2700
 TATCCCTCCT TTTCTAGCT GATATTCTAA CTAGAAGCAT TTGTCAAGTT CCCTGTGTGG2760
 CCCTTCCCC CAGAG 2775

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 605:

35

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 944 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

40

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

50

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 605

GAAAAGGGGG AGGGGGAGTG ACAATCTTTG CTGGGGCCT ATGACTTCTC CAGCCCCAAG 60

```

GGGAGATGCC ACCGGGAAAT CCCCCAATGT CCACTAGGGG GCAGGAGGCC ACCGTTCTTC120
GTACTCCGGA GAACCTGGCT GGAGAGCTCT TTCTTGTTCA CCCTTCCCAC CAGACTAAA180
GGTCATCGCA GATAACGTGA AGGACTGGAG CAAGGTCGTC CTGGCCTATG AGCCTGTGTG240
GGCCATTGGT ACTGGCAAGA CTGCAACACC CCAACAGGCC CAGGAAGTAC ACGAGAAGCT300
5 CCGAGGATGG CTGAAGTCCA ACGTCTCTGA TGCGGTGGCT CAGAGCACCC GTATCATTTA360
TGGAGGCTCT GTGACTGGGG CAACCTGCAA GGAGCTGGCC AGCCAGCCTG ATGTGGATGG420
CTTCCTTGTG GGTGGTGCTT CCCTCAAGCC CGAATTCGTG GACATCATCA ATGCCAAACA480
ATGAGCCCCA TCCATCTTCC CTACCCTTCC TGCCAAGCCA GGGACTAAGC AGCCCAGAAG540
CCCAGTAACT GCCCTTTCCC TGCATATGCT TCTGATGGTG TCATCTGCTC CTTCCTGTGG600
10 CCTCATCCAA ACTGTATCTT CCTTTACTGT TTATATCTTC ACCCTGTAAT GGTGTTGGACC660
AGGCCAATCC CTTCTCCACT TACTATAATG GTTGGAATA AACGTCACCA AGGTGGCTTC720
TCCTTGGCTG AGAGATGGAA GCGTGGTGG GATTGTCTCC TGGGTTCCTT AGGCCCTAGT780
GAGGGCAGAA GAGAAACCAT CCTCTCCCTT CTTACACCGT GAGGCCAAGA TCCCCTCAGA840
AGGCAGGAGT GCTGCCCTCT CCCATGGTGC CCGTGCCTCT GTGCTGTGTA TGTGAACCAC900
15 CCATGTGAGG GAATAAACCT GGCCTAGGA AAAAAAAAAA AAAA 944

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 606:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 20 (A) LÄNGE: 1939 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear
- 25 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 30 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:
- 35 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 606

```

40 CCAGTCAAGA ATCTCCCACT AAGCTTCAAA GTAGTGGATT ACAGCATGGC AACCATGCCA 60
GTAATTTGAA ATTTAGTAGA GAGGCTTTTC CTTAGTAGAG ATGGGTTTTT GCAGGCTGCT 120
CCCGAACTCC TGACCTCACC CCACCCCGCG CAACCCCGCC ATCGGGCCCC CAAAGTGCTG 180
GGGTTACAGG CTTAAGCCAC CAAGCCCGGC CGACCTTCTT CTATTTTTC ATTCTCCTTT 240
45 CCAAAGCCAT GGCCATGCGC TCCTGTGTAC AGGTGCATAA ACACATCAGT GTGCCATCCC 300
TCACATGCAT GTCGTTCCCC ACCCTCCTT CCCAGGGCTT CTCTTGCTC CAGCGTTCCT 360
CTGGGACCCCT CTGCAGATAC AGCCTGTGCT GGACCCCGAG CCAGGGTGAG GGCTCATTCT 420
GCTCTGTCTT CCCCCTGCC TCAGTTTCCC CCAAAGCTG CTTTCACGTC CTTCTAGTAG 480
GGGGCCTCCC ATGGGGGCAA GGATCCCCTT TAGGATTCAA TCTTTCCTCT TTGGGAGTT 540
50 TTGGCTTTGA GTCCCCAGG GATCAGGGT AGAATGAAGA AGAGCTCAGT GAGCGGAATG 600
ACAGCAGCTG GGTGGGTGGT GTGGGGAGAG GCTGAGGGGA AGGCAGCTCT AAGACTGGGA 660
GTGGAGTTCC TGGAGGTGTG GGGAGGGGG CGTGTTCCTA ATTTAGAAA ATCTCAGCCA 720
GCTCGAGCCG AGAGAGAATG CGAAAGAGGA AGTTCGGAAG GAGCGAGGAA TGGGGTGGGT 780
GGCAGCGGGG CGCGCTCAGT CGCTGTGCTT CTTGTCCACC AGCACGGCGT CCGACTCCTC 840
55 GGTGATCTCC AGCAGCGCGT GCACGTCGGG GCTGCTCCC CGCCGAGGT CGCCGGCCTC 900
CCCCGCTCC GCGCGCCCT CGTCGTCGTC GCGCCACC TCCACCATCT CCGTGGCCTT 960
GAGCACTTCC ACCTGGCCCT CGCGGATCTT CTTGACGTGG AAGGTGAAGG GTGGCACCTT1020
GTAGACCGCG GTCTTGGAGC GCGCGTACAC CACGTGGTCG GCGGTGAAGG ATTTGCGCAA1080

```

CTTGTCCC GC GACGTCTTCA GTTCTCTCGC CCGCTCGGCG GGCACCAGGC GCGTGCCAG1140
 CTTGTTTCATG CGCTTCTCCA GGGTGTGCCG CGTCTTCTCC AGGTTTTCCT TGGTCTTGAG1200
 GCGCGTCTTC TCCAGGTTCT CGCGGGTACG CACCTTGGTC TTCTCCATCT TCTCCTTGGA1260
 GAAGGCCCTT TTGAAGTCGT CCACGCGCCG CAGGCCCTGC GCTTGATACG CTCTGCGCGG1320
 5 GACTCCTCAA TAACCTCCTC AACCTCCACC GCCTCGTCCG ACGAAAGCTC CAGCGCCGCT1380
 GCGTCTCTCT CGGGCCGCTC GCCCTCGCCC AGCTCCTCGC CCTCCTTCTC TGGCAGCGCC1440
 TCCGACTCTT TCAGCGATT GCTGATGCTC AGTTTGGCCG GCAGCTTCAC TTCATCTGG1500
 TAGATCATGA CTTTAAAGTT GCGGCGCCGC AGCAGCTCGG CCTCGTTGAC CTCCAGCTTC1560
 TTGATCTGCC CCGCCTGGCG CTCCAGGCTG CCGCGCACGG TCTTCACGTT GACGCTGACC1620
 10 TTGCGCACCT TCTCCAGCAG CTTGCTCACC GTATTGCTCG TGGTGGCGTG CGCCTTGCCC1680
 AGCTTGCTCA GCTCGCCCTG GATGCTCTGC ACTGCGCCCT CCATCTCCGC CTGCCGCTCC1740
 TCCAGCTGTG CTTGAGTCAG CTGGATCTGG TCTACGGCCC CGATGATTTT GTCCAGGAGG1800
 CTCAGCACCA GCACGCCGT CACCTGGTCC GACTTGATCA GCTCTTCTGA GCCGGCCCCC1860
 GACGGCTCCT CCGCTGCCTG AGCCCCAGCG GAGGAAGCTC CGGGGCTCG GCGATCGGGG1920
 15 TACCCGGGCA AGCGGCCGC 1939

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 607:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 20 (A) LÄNGE: 1570 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

35

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 607

40

GGCACGAGGA AGTTAAGATC ATACATGCGG ATGTGCTGGT AACCTGCAAG AAGCAATCAT 60
 GCTGCGGTCC GGTGTGACCT CCCAAGGCAT TCACCCTGGG AGTCCCTGGT GCTGCACCCC 120
 AACCAGGCA GAGTCATCG TGGGTGACCA GAGCGGGGCT ATCCACATCT GGGACTTGAA 180
 AACAGACCAC AACGAGCAGC TGATCCCTGA GCCCGAGGTC TCCATCACGT CCGCCACAT 240
 45 CGATCCCGAC GCCAGCTACA TGGCAGCTGT CAATAGCACC GGAAACTGCT ATGTCTGGAA 300
 TCTGACGGGG GGCATTGGTG ACGAGGTGAC CCAGCTCATC CCCAAGACTA AGATCCCTGC 360
 CCACACGCGC CGTACGCCCT GCAGTGTCGC TTCAGCCCCG ACTCCACGCT CCTCGCCACC 420
 TGCTCGGCCCT GATTAAGACG GTGCAAGATC TGGGAAGGACG TCCAACCTTC TCCCTGATGA 480
 CGGAGCTGAA GCATCAAGAG CGGCAACCCC GGGGAAGTCC TCCCGCGGCT TGGATGTGGG 540
 50 GGCCTGCGCT CTCATCGGGG GACTCCAGT ACATCGTCAC TGCTTCCTCG GACAACCTGG 600
 CCCGGCTCTG GTGTGTGGAG ACTGGAGAGA TCAAGAGAGA GTACGGCGGC CACCAGAAGG 660
 CTGTTGTCTG CCTGGCCTTC AATGACAGTG TGCTGGGCTA GCCTGTGACC CCTCGGGACN 720
 TGCCTGTTGC AGGTGTTGGC AGCNTGGAGG GACCATGCA GCAACCTGG CAGAGCAGAC 780
 CCNTNCCCT NGCCNGGCCCT GCGCCANGCT GGNACCTGAT GGCCCCCTGT GGCGCCTTGA 840
 55 CCTGTGGGGC CAGGCTGNCC CTGGGACTCT CAGCCCCAN GTTGCTTATC CANGATGTGA 900
 CAGAGCTCGA CCCAAGCCAG GCTGCACACT CCTGGACNTG GGCTAGCCTG CACTGCCNTG 960
 GGAAAGNTCN GCCGAGGGCC CANAAGCTGC TGAGGGGTNC TGAGGCTGGT GCCCACCCC1020
 AAGCTAGTGT GTTCTCTGCC CCTCCCTGCC CGCGTTTCAG GGCCTCGGTC CATAGAGAAC1080

ACCACCACCA TGGCCAGGTG GAAGGGTTTA TTAGTCCCTG CCAGCAGCTG TCCTCCCTGG1140
 TGCAGGTGGC CTGGCCAGCC CACTGGATTG GGGACGGGCC AGGCTGGGCC AGGTCGGGGG1200
 CTCAGTCTGG GAGGTAATAA AAGCAGACCG ACACGCAGAT GTTGCTCGGG AAAAAAAAAA1260
 5 AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA GCCTGTCTCC GGGGCCCCCTC TGCTCGCCGG GCCCAGTAGA1320
 TGGGGGTCCCT CATGCACAGG CGCTGCACCA AAGCCCCCGC CTGGGCGGTA GCCACTTACG1380
 AGGCTCCCCCT GCACTGCCAG CAGCTCCTGG GTGTGGTGGG TGTCTGGCT GGGGACCCAA1440
 GCCTCTTGGG CCTTGGAGGT ATCCACCAGC AGCCGCAGGT CTCCCGATCA CTGTCTCCA1500
 TCAGGCGGAG GAAGCAGACC TGGTGTCTCT CAGGGCGGTA ACAGATGCAG CCGCTCTGCC1560
 10 CGTCGAACAG 1570

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 608:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1768 Basenpaare
 15 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 20 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 608

35 GCACAATCCC GGCTCACTGC AACCTCCAAC TCCTGGGTTC AAGCGATTCT CCCGTCTCTA 60
 CAAAGTATAC AAAAAAATTA GCCAGGCATG GTGGTGCGTG CCTGTAATCC CAGCTACTTG 120
 GGAGGCTGGG GCACAGGAAT CCTTTGAAC TGGGAGGCAG AGGTTGCAGT GAGCTGAAAT 180
 GCACACTACTG CCCCCCAGCC TGGGCAACAG AGCAAGACTC TGTCTCGAAA AAAAAAAG 240
 AAAACAATGA AGGAAAAGGA GGGTGAGTTA GCTGGAGTAG AATAGAGGTA TAGAATCGTT 300
 40 CCTAAATAAC CGGCTGCATT GGTTCCTGG AGACTTGCTA AAAACCCAGA TTCCCAGGCC 360
 CCACCTCTTG GTGCTCCTAA TTCAGTAGCA TCACAGTAGG GTTCCAGAAG CGGTATTTTT 420
 AACAAGCTCC CAGGTAATTC TGATGTGCAC CTAGATTTGG AAATCACTGT GTTAAAAAAT 480
 ATTGTGAGGT AAGTTGGTCA GTTAGGTTGG GCAGCTTTTA TTTCATTGCT AAGGGATTG 540
 GACTTGATGG TGTAATAAAG CATTAATTGA ACAAATATTT ATGGAGCCTG TACTATGTAC 600
 45 CAGATGCAGA CTGTGCTAGC GGTGGGGAT ACAGTGATGA CTTGGTCTGC CTCTAGGTGG 660
 CAGGGAGCCA TTTTGGGTTT TCGAACAGAA AAGTGACATA ATGAATGCTG AGTTCTTAGG 720
 AAGATTAATC CAGGAGTAGT CTCCAGGATG TACTGGAAGG AGAGAAGCTG AAACCAGGGA 780
 GGCTGCTGTG TTTGCAGTTG GCTGCCAGT GCTACCTCTG CAGAGACAAT CAATGTCTG 840
 AAGGTAGCTG GTATGTCTGT GTGCACTGAC ACGAGCCTTC CTACCAAGCC CCAGGGGCTC 900
 50 CATGCTGGAG AATGCACGTA GGGCTAGGGT GAGCACTAAC TTCACTTCAG GAGAGCAAGG 960
 AACAGTGTGG CTCTTCCATT TTTCAGTTCT GTAAGCACAT CACCCTTTTC TCCTCCCCTT1020
 GAGCTGTGTT CTCTGACAGC TGTTTGTGG TAAAGCCAGC AGCCCCTAAA GCACGTCCCA1080
 GCCTTGCTCT CTCTGTGCTT TCCCCACCA CTGCTGCTGC ACGCCTCATT TGCTGGGCCA1140
 CTTTAGTGGT GGAACCATTA GAGCTGAGT GACTTAAAGG AGATTGAGTC TGTCTCGACC1200
 55 CCGAGAGAGA GTGGGATGGA TGGATGCATC GTCTCATTTA GAAAGTGTG CCTCTGACTC1260
 TAACACACTC TTCTCTCTTT CTTTACCGCC CTCCCTGTGT GCGTCCCTGG GGGGGCGTGG1320
 GCTAAACCCC TTCCGTCCCC CTTTCTCCTT CTCTCTCACA GTGTAGGCAC CACTTCTCTT1380
 ACAATTTAGG CTTTCTCTCT GCCTTGGGCT GAGTGAGGAA GAGGAGTGCT GTTCCTGCCT1440

TCCTAGCCCA GCTGGGTCTG ACCAGAGGCT ACTGTGTACC CATTACCAT GCGTGATTGT1500
 TAACTCAGAG TGGGGTGTAG CCAGGTATTG ACTGAATGTA TGTTCTTGCT GACCTGTGTT1560
 TTTTCTGTGA GGGACCAAAG CAGTATCCTT ACAATAATCT GTACCTGGAA CGAGGCGGTG1620
 ATCCCTCCAA AGAACCAGAG CGGGTGGTTC ACTATGAGAT CTGAGGAGGC TTCGTGGGCT1680
 5 TTTGGGTCCT CTAAC TAGGA CTCCTCATT CCTAGAAAT TAACCTTAAT GAAATCCCTA1740
 ATAAACTCA GTGCTGTGTT AAAAAAAA 1768

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 609:

10 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1001 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 609

TAAGGAGACT GAAAGGTGAT TCATTTAGTG AGTAGCGATT ACAGAATTTT TAAAACAGTG 60
 GGGGCGGGGG GGGCGGCGGG GAGGAGGGCT GGAATTGTCC TCCAGCGCAT ACAAGGTTGT 120
 TGCTGCCAGA GAAATCCAGC AGGAAAGAGC AGCATTCTTT CACCTTTTCC GCCTCTGAAG 180
 35 CGGAGGAGAA CTTTATTCC CAGCAGCCCT TAAGATTCCT CCGCGCACTG CGTAGCGTCT 240
 CCGGCATTCT GCTTCCGGC GCTCTGCCCT CCGGTGCGTC GTTACGGCC AGTTTGAACC 300
 AAAGACGCCC AANGGTTGAG GCCGAGNTTC CAGAGCATGG GGTCTCGGTT GTCCCAGCCT 360
 TTTGAGTCCT ATATCACTGC GCCTCCGGT ACCGCCGCCG CGCCCGCAA ACCTGCGNCC 420
 CCCAGCTACA CCCGGAGCGC CGACCTNCCC CNAGCAGAAC ACCGCCNGT TGAAGANCCT 480
 40 GCTGGAGCTG TCGNCGTNGC TTTCTGGGTT GGGGCTGATG GGGGNNCGG CGGGTACGTG 540
 TACNTGGGTG GCANCGGAAG CCCATGAAGA TNGGGATACC CCCGAGTNC CATGGACCNA 600
 TTACNGCAGA TGGTCATCGN NGCCTCANGC NATTGCCACC TNGGGGTANT CGTTGTNCAT 660
 NGGCAGACCC CAAAGGGAAN GGCCTANCCG CGTTGTTTNG AAAGNTACCA CCANGTGAAT 720
 NCTGTCTTCT GTCTNCTNGT CCCNTTTNCC CCGTGACACA CAGAGCAGGC ATGGAATTTA 780
 45 ATGGGNTGTT CTGGNACNAG ACACCTGTAC ATGGACAGAC ATCACTACTN NGTGGATACT 840
 NNACAAGACT GAAAAGNAAA ATCGTATGTT GTCATTCNTC TGGCTANTGG AGTGTGTTGTG 900
 GCCTTCACAG ATTTACAGG AACCATAAAA TCCCTCAGAG AAGTAAAAA NAAAAAAA 960
 AAAAAAAA AAAAAAAA AAAAAAAA AAAAAAAA A 1001

50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 610:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2515 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

55

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 610

```

GGTGTGGAAA CTA CTGCAAA TAGTAGCACT TCACTGAGAT CTACAACCTCT TGAAAAAGAA 60
GTTCTGTGCA TCTTCATCCA CCTTTTAAAC ACTGGATTAT TCCGGATAAA AATTCAAGGA 120
20 GCCACTGGAA AATTTAATAT GGTCATCCCT CTTGTGGATG GGATGATTGT CAGCAGGCGA 180
GCTCTTGGCT TTCTGGTGAG GCAGACTGTA ATTAACATTT GTAGAAGAAA GAGACTGGAA 240
AGTGACTCCT ACAGTCCCCC CATGTCCGCC GGAAACAGAA AATCACCAGC ATTGTCAACA 300
AGTACCGGAA CAAGCAGCTG GAGCCAGAGT TTTATACTTC ACTTTTCCAG GAGGTGGAC 360
TCAAGAACTG CAGTTCTTAG ACCACTGAAT TTCTAAGACT GTTGAACCTC AGTTTGGGAA 420
25 CTATAACACA GCAGAACAGT TTGATAGGTG ATCACTGTAA AAATAAAAAC AAATCACTCC 480
CAAGAGCTTA CTGTTTAATC ACCAGAATAG AAGAAACACA TTATAACCCA TTTGATAGAA 540
GACTTTGGGC TATCTAGTGA AATGGGCTCC CAGACACAAT CATACTCCTG CTGATAATGA 600
TGATATACAT TTTAGCCATA AACTTTCTTT TAAAAGTGAC AATTTTAGTT AAACATAAGC 660
CTTTTGAGGA GAAAGGCTTT TATGCATCTC AGTTAAACAC GTGCATTGGT AGTATCAACA 720
30 AATTTGCAAT ATAGAAGTTG AAGATAGTTT TTTNCCCTAC TTTTTAGGAG GCTGTATTCA 780
AAATTAATAA CTCAGAATCT TACAGGACAT TTAAGGACT CATGTTGATA GCATGGAGGA 840
GAAGGAAAGA AGTCACAGCC TTCTACTCAG TTGTAGGTCT TCTTGTCATC CAGCTGTCAC 900
ACTGACAAAA AGAAAAGATG ATANCATGTT TTTTGTCTCA GATAAGAAGC CTGACATTAA 960
AAGATGTCAT ATTTTTTCTT CCACATTICA AAAAGTTGTC CTTCTCATCA CTGCACAGAT1020
35 CTGTCTGAAA GCCTCAGTTT CTGAGTGACC CAGGAACAGA TCAGAAATGG AGCATGGCCT1080
TGTCCTTTAA TGGGGATGCA AATAAAGTTT GTGGGGTTAA AAGTTATAAG ACAGCAGTGA1140
TACCCCACTC TCTCCATTAT TGTCCAGCGG GGTGACATAA TGACAGGTTA AATATTGTG1200
ATTCAATTGAT TAAATATTAT TTAAGAAAT GTAAAAAATA AAAAAAGGTT GAAAAATTAT1260
TGGTTTCATC CATTGTCTCT TATTTAGGA CCAAGCAGCA AACTGCAGTA GTTTGTGAAG1320
40 GATTCTAATA TGGGGTTCAG GAATAGCCTC TCAACGCTAC TAATTCAGAT CTCTCCAGAA1380
GAACTACTGG ATTTCCCTCAT AATTGACAAA CATGAGTGAC CACCTCTTTG GGTGGCTACT1440
GTTAGAAATG GCTGTTGTCA TGTTTTCTGG ACTTTGCCAG CCAACAGATC CCTGCCAGGT1500
TTTGGAATAA CTTCTATTAC CTCGCTGCTA CTTTCTGCA GGGATAAAAC TTTTGNAGGT1560
GGCCAGACCC AGAACATCCA AGGATTCTCTG TTACAGTGCT ACAGTATACA CTGCTCATTT1620
45 ATCCTATTCT CATGTGCTTT CTTCTTAGT AAGATTATTT TAAGAAATA AGTGATATTT1680
AAAGTCCAAA GAGGAATGAT CACAGTTGTA TAAGGGGTGT TTTCCCACTT GAACTCTGAT1740
GTCAGTCGAC TGTGGGTCAG AGCTACAACC ATCTGTTTGG TTTGATGTTT TGGTGGTTTA1800
CTTACGGAGT GGGGATAGTG TGAGACCTAA TTCCCTGTGC AAATGTCTCT TATTCCAGAA1860
ATGTGCATTG TGTCATCTAT AAGCAAGAAA TATGGGCATA GCAGCTCTTG GTTTAAANGT1920
50 TTGCCATAAC CTGTTTATGT TTGTTTAAAG CTCAGGTAAA GATAACCTCC NTCTTTCTAT1980
GACTCCAGTT TCCATTGAGG TTATAGTATT ATTCAATAGT TGATTTTCTT TTTAAGCTNG2040
GGCAATAAAT TGATGTTTCC AGATGGTAAC ATGGGANGAG GGCATATAGG ATAAAGATNG2100
AGCAAATTCT ACCCTAAAAA TGNTTCTAGT AGTTCACAGG AAGAAGATGA GGTTTAATAA2160
CTTTCAAGGT AATTCTAGAT TGACATTTTN GAGGGGAAAA TGGGCTCTTG TTCTAGTTGA2220
55 AGTGAGCAGA GAANGGCTAT NAAATTAATA TGTAANCTTA CAGCATTCCA GAGGTAAAAA2280
ATAACTGATG CAGATGTACT TCTTCAGTGT GATTCTTCAG ATCAAACCTT TACTTTTGGC2340
ATAGTTAATT TCAGAAAAAT GTGCTGTATG TGTGTGTGTA TGAGGGTTGG TCTTGCTGAT2400
CCTTCAGTTA GCTCTAAATT CTGGCAACTC CTTGTAATTC CCATGTATTT GATACCATGA2460
ACCAATCATG TTGAATGCGT TTGGTGATCT GGGGAGCCTC CCCCCTCTTC CCAGG 2515

```


(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 611:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 818 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

- 20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 611

25 TTTT TTTT TTTT ATTTAAAGCC TGGATTGTAA CCAGATTTTC TTTT TTTT CCCC CTTCTCAGCT 60
GTAGATATGA TATCTCCTTT CAGGGCCCCA GCTTAAGGGC AAAGTGAGTT AATGTGTAGA120
CAAAGGCGAG GGACAAGAGA GAGTTAACAT CTAGACAGTG GAAAAAGCCA TGGTGTGTGG180
TTTCTGGGAA CCACCAACAC TTGCAGGTTT AGCTTTTTC CAGGGTTGAC TACAAGAAAG240
30 AAAACCATGT TTTTGCAAGA TTAATATGTG GTTGAGTGTG CCTAAATTAA CCATCCCCAT300
TTTTATCATA TTCCACCAT CACTTCAGGG TTTTAAGAGT CAGTGCTCAC CTGGGCGGAG360
CTGGTAGTAC ATTTTGCTTC TTAGAAAGCT AAGTCCTGGG TTCCGTCTGA TTTTAGGTTTC420
CAGGAACCTC CTGAGAACAC CCGATCGCAG AGGGTAATT TCTGGAGTTT GTTTTGCAGG480
GATAGCTGGG AGTATGGCCA CCCTGCTCCA CGATGCGGTA ATGAATCCAG CAGAAGTGGT540
35 GAAGCAGCGC TTGCAGATGT ACAACTCGCA GCACCGGTCA GCAATCAGCT GCATCCGGAC600
GGTGTGGAGG ACCGAGGGGT TGGGGGCCTT CTACCGGAGC TACACCACGC CAGCTGACCA660
TGAACATCCC CTTCAGTCC ATCCAATTCA TCACCTATGA GTTCCTGCAG GAGCAGGTCA720
ACCCACCG GACCTACAAC CCGCAGTCCC ACATCATCTC AGGCGGGCTG GCCGGGGCCC780
40 TTGCCGCGGC GCGGAGGGC CCCCTGGACG TTTTAAGA 818

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 612:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 45 (A) LÄNGE: 1024 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 612

10 GCGGTCGGTA GTGCGGCGCT GTTTAAAGAT GGC GGCGGAG GAACCTCAGC AGCAGAAGCA 60
GGAGCCGCTG GGCAGCGACT CCGAAGTGTT AACTGTCTGG CCTATGATGA AGCCATCATG 120
GCTCAGCAGG ACCGAATTCA GCAAGAGATT GCTGTGCAGA ACCCTCTGGT GTCAGAGCGG 180
CTGGAGCTCT CGGTCCTATA CAAGGAGTAT GCTGAAGATG ACAACATCTA TCAACAGAAG 240
15 ATCAAGGACC TCCACAAAAA GTACTCGTAC ATCCGCAAGA CCAGGCCTGA CGGCAACTGT 300
TTCTATCGGG CTTTCGGATT CTCCCACTTG GAGGCACTGC TGGATGACAG CAAGGAGTTG 360
CAGCGGTTCA AGGCTGTGTC TGCCAAGAGC AAGGAAGACC TGGTGTCCCA GGGCTTCACT 420
GAATTCACAA TTGAGGATTT CCACAACACG TTCATGGACC TGATTGAGCA GGTGGAGAAG 480
CAGACCTCTG TCGCCGACCT GCTGGCCTCC TTCAATGACC AGAGCACCTC CGACTACCTT 540
20 GTGGTCTACC TGGCGCTGCT CACCTCGGGC TACCTGCAGC GCGAGAGCAA GTTCTTCGAG 600
CACTTCATCG AGGGTGGACG GACTGTCAAG GAGTCTTGCC AGCAGGAGGT GGAGCCCATG 660
TGCAAGGAGA GCGACCACAT CCACATCATT GCGCTGGCCC AGGCCCTCAG CGTGTCCATC 720
CAGGTGGAGT ACATGGACCG CGGCGAGGGC GGCACCACCA ATCCGCACAT CTTCCCTGAG 780
GGCTCCGAGC CCAAGGTCTA CCTTCTCTAC CGGCTGGAC ACTACGATAT CCTCTACAAA 840
25 TAGGGCTGGC TCCAGCCCGC TGCTGCCCTG CTGCCCCCCT CTGCCAGGCG CTAGACATGT 900
ACAGAGGTTT TTCTGTGGTT GTAAATGGTC CTATTTACC CCCTTCTTCC TGTCACATGA 960
CCCCCCCCCA TGTTTTATTA AAGGGGGTGC TGGTGGTGAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA 1020
AAAA 1024

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 613:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1322 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
35 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

40 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
50 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 613

55 GCTGACCACG ACATGTGTCT CCTCCTCTGC ACCTTCCAAG ACCTCCTTAA TAATGAACCC 60
ACATGCCTCT ACCAATGGAC AGCTCTCAGT CCACACTCCC AAAAGGGAAA GTTTGTCCCA 120
TGAGGAGCAC CCCCATAGCC ATCCTCTCTA TGGACATGGT GTATGCAAGT GGCCAGGCTG 180

```

TGAAGCAGTG TGCGAAGATT TCCAATCATT TCTAAAACAT CTCAACAGTG AGCATGCGCT 240
GGACGATAGA AGTACAGCCC AATGTAGAGT ACAAATGCAG GTTGTACAGC AGTTAGAGCT 300
ACAGCTTGCA AAAGACAAAG AGCGCCTGCA AGCCATGATG ACCCACCTGC ATGTGAAGTC 360
TACAGAACCC AAAGCCGCC CACAGCCCTT GAATCTGGTA TCAAGTGTC CTCTCTCCAA 420
5 GTCCGCATCG GAGGCTTCTC CACAGAGCTT ACCTCATACT CCAACGACCC CAACCGCCCC 480
CCTGACTCCC GTCACCCAAG GCCCCTCTGT CATCACAACC ACCAGCATGC ACACGGTGGG 540
ACCCATCCGC AGGCGGTACT CAGACAAATA CAACGTGCCC ATTTCGTCAG CAGATATTGC 600
GCAGAACCAA GAATTTTATA AGAACGCAGA AGTTAGACCA CCATTTACAT ATGCATCTTT 660
AATTAGGCAG GCCATTCTCG AATCTCCAGA AAAGCAGCTA AACTAAATG AGATCTATAA 720
10 CTGGTTCACA CGAATGTTTG CTTACTTCCG ACGCAACGCG GCCACGTGGA AGAATGCAGT 780
GCGTCATAAT CTTAGTCTTC ACAAGTGTTC TGTGCGAGTA GAAAACGTTC AAGGGGCAGT 840
ATGGACAGTG GATGAAGTAG AATTCCAAA ACGAAGGCCA CAAAAGATCA GTGGTAACCC 900
TTCCCTTATT AAAACATGC AGAGCAGCCA CGCCTACTGC ACACCTCTCA ATGCAGCTTT 960
ACAGGCTTCA ATGGCTGAGA ATAGTATACC TCTATACACT ACCGCTTCCA TGGGAAATCC1020
15 CACTCTGGG AACTTAGCCA GCGCAATACG GGAAGAGCTG AACGGGGCAA TGGAGCATA1080
CAACAGCAAC GAGAGTGACA GCAGTCCAGG CAGATCTCCT ATGCAAGCCG TGCATCCTGT1140
ACACGTCAA GAAGAGCCCC TCGATCCAGA GGAAGCTGAA GGGCCCCTGT CCTTAGTGAC1200
AACAGCCAAC CACAGTCCAG ATTTTGACCA TGACAGAGAT TACGAAGATG AACCAGTAA1260
CGAGGACATG GAGTGACTAT CGGGCGGGC CAACCCCGAG AATGAAGATT GGAAAAAGGA1320
20 AA 1322

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 614:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 25 (A) LÄNGE: 4458 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 35 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

40

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 614

45

```

GCCCGGCGTT AACAAAGGGA GCCGATACCG ACCGGCGTGG GCGCGGAGCG GGCGGCGGCC 60
ACCGAGCGTG CTGAGCAACC GCAGCCTCCG CGGCCGAGAG TGCAGCGAGC AAGGGGACAA 120
AAAGTTCCGC AAAGCCCGCA CAACCAGCAC CACAGAGAGA AGGGAAGAAC GGCATCCAGC 180
CCACCAGAAA TGGACCGACA CACCTCAGCA TCTCCAAACC CCGCAGACA CGTGACCATA 240
50 AACCAGCAA GATGAGTTT GATCATCTG AGAAAAATGG GCCTTGGCCT GCAGACCCAA 300
TAAACCTTCC CTCCCATGGA TAATAGTGT AATTCTGAG GACCTGAAG GCCTGCCGCC 360
CCTGGGGGAT TAGCCAGAAG CAGGCTTGTT TTCCTGCTCA GAACAAAGTG ACTTCCTGA 420
ACACATCTTC ATTATGATTC ACACCAACCT GAAGAAAAAG TTCAGTGCT GCGTCTGGT 480
CTTCTTCTG TTTGCAGTCA TCTGTGTGT GAAGGAAAAG AAGAAAGGGA GTTACTATGA 540
55 TTCCTTTAAA TTGCAACCA AGGAATTCCA GGTGTTAAAG AGTCTGGGA AATTGCCAT 600
GGGGTCTGAT TCCAGTCTG TATCCTCAAG CAGCACCAG GACCCCAACA GGGGCGGCCA 660
GACCTCGGC AGTCTCAGAG GCCTAGCCAA GGCCAAACCA GAGGCCTCCT TCCAGGTGTG 720
GAACAAGGAC AGCTCTTCCA AAAACCTTAT CCCTAGGCTG CAAAAGATCT GGAAGAATTA 780

```

CCTAAGCATG AACAAAGTACA AAGTGTCTCTA CAAGGGGGCCA GGACCAGGCA TCAAGTTCAG 840
 TGCAGAGGCC CTGCGCTGCC ACCTCCGGGA CCATGTGAAT GATCCATGG TAGAGGTCAC 900
 AGATTTTCCC TTCAATACCT CTGAATGGGA GGGTTATCTG CCCAAGGAGA GCATTAGGAC 960
 CAAGGCTGGG CCTTGGGGCA GGTGTGCTGT TGTGTCTGCA GCGGGATCTC TGAAGTCTCT 1020
 5 CCAACTAGGC AGAGAAATCG ATGATCATGA CCGAGTCCTG AGGTTTAATG GGGCACCCAC 1080
 AGCCAACTTC CAACAAGATG TGGGCACAAA AACTACCATT CGCCTGATGA ACTCTCAGTT 1140
 GGTTACCACA GAGAAGCGCT TCCTCAAAGA CAGTTTGTAC AATGAAGGAA TCCTAATTGT 1200
 ATGGGACCCA TCTGTATACC ACTCAGATAT CCCAAAGTGG TACCAGAATC CGGATTATAA 1260
 TTTCTTTAAC AACTACAAGA CTTATCGTAA GCTGCACCCC AATCAGCCCT TTTACATCCT 1320
 10 CAAGCCCCAG ATGCCCTGGG AGCTATGGGA CATTCTTCAA GAAATCTCCC CAGAAGAGAT 1380
 TCAGCCAAAC CCCCATCCT CTGGGATGCT TGGTATCATC ATCATGATGA CGCTGTGTGA 1440
 CCAGGTGGAT ATTTATGAGT CCCTCCCATC CAAGCGCAAG ACTGACGTGT GCTACTACTA 1500
 CCAGAAGTTC TTCGATAGTG CCTGCACGAT GGGTGCCTAC CACCCGCTGC TCTATGAGAA 1560
 GAATTTGGTG AAGCATCTCA ACCAGGGCAC AGATGAGGAC ATCTACCTGC TTGGAAAAGC 1620
 15 CACACTGCCT GGCTTCCGGA CCATTCACTG CTAAGCACAG GCTCCTCACT CTTCTCCATC 1680
 AGGCATTAAA TGAATGGTCT CTTGGCCACC CCAGCCTGGG AAGAACATTT TCCTGAACAA 1740
 TTCCAGCCTG CTCCTTTTAC TCTAGGGGCC TCTTCAGCA AGACCATGGG GACTTCAAGA 1800
 GCCTGTGGTG AGGAAATCAG GTCCAGCCTT CCCTGTAGCC AGACAGTTTA TGAGCCCAAG 1860
 GCCTCCTGCC ACACACATGC ACACATATCT AGCATTCTTT CCAGACAGCA TCCTCCCCGC 1920
 20 CTTCCACCTT GGTAGATGCA AGGTCTATCT CTCCCATCAG GGCTGCCAAA GCTGGGCTTT 1980
 GTTTTTCCCA GCAGAATGAT GCCATTCTCA CAAACCAATG CTCTATATTG CTTNGAAGTC 2040
 TGCATCTAAA TATTGATTTC ACGNTTTTAA AGNAAATTCT NNCTTAAATT ACAATTGTGC 2100
 CCAATGCAGG GTGGNCTCTN NGGGGGGCAA GTAGGTGGTA CAGGGGATTG GAAACATCCT 2160
 CCGCGCCTCC AGAGAAAAGT TGCTCCGAG TCCATGCCC CTGGAACGTG TTCCTATCAC 2220
 25 TCTGGCTGGT TGGGCTGGTC CTTAGACTGG GTGCTTATGA TTTAAAAGGT CTGGTTAAG 2280
 CCCACTTTCC CTCTCCATGT GGAGATGGAA GGTAGAGAAG GATACAGTGT CTATCCTCAA 2340
 GTTGCTACGG TTCAGTGAGA GAGGCAGACA TCTGAACAGG NCAGGTAGGA TTCAGTGTGC 2400
 TCAGTGCATC GGGGATTGG AGAGAGATGG GCTTGCTCTC TCTGTGCACC CAGGAGGGCC 2460
 ACGCACTTAA AACTGTGTTT GTGGATCAGA GAAGGCTTTA TAGCACAGGG GGCATTCAAG 2520
 30 TGAGTCTTAG AGGAAGAGAA GAAACATGGC AAGCAGATTA CATCTGAGCC GTTTGAATTG 2580
 TGTTTTTCTT TCTTCCCATG TTTATTTTCT AAGATCTACC TGAACCTAGN AGACTCAAG 2640
 TATTTTTTTA GGAACCTCC TACCCATGTC TGAGGTAGCA AGTGCAGCCT CACGACAGAT 2700
 ACCAGGCAAT CCAGAGCCAC AAAACGTGAT TCCTCCAGGC TCTGCCTGGC CTGACCCTGT 2760
 CCTGTCAGCT GGGTTTACAT ACCAGTCCCA TTCTTCCTTT TCAATACCTA CCCCCAAATC 2820
 35 TTCTCCTAAC CACCATCTGT TTTTTTTTAA TTTAAAGCATT TTTTGCTTTA AAAGCATCCT 2880
 GACCCCAATT TCTTTGAGCT CACGGGCCTT TTGCTGAAGG TCTCTCAGGG TGTAGTGGTG 2940
 TGGCTCTCTG GACTTAACGT CACTCTCAGN AGGTCAGAAC CTNNGGAGAT CAGAAGTGA 3000
 TCTCACCAGG TGTGAGAGGT GTGGNTANGC AGATTGCAAT GCTCTGCACC TCTTNCCTTG 3060
 CAAGTGAGNC AACTTNCAGG NCTCTCTGGG NCAGAGGCTG GCCCACTGTA GTTTGCAGAC 3120
 40 ATGCTCTCCA GATGGNTTTT ACTAAGTCCC CTCTCCCTGN ATANGGGAAT CCTGNCTGNN 3180
 ACCAGCGCAN GCCCTNNGGT GTNNGANNGA GGTNAAAAG ACTTGNCACA GGNATCACCA 3240
 AGTNCATGCT GNTAGANGCC AGGATTCCTA GACCCAGGGC TCTGCACTCT CAAGGCTGGC 3300
 CCCATGTGCT CAAGGGGGTC TAATGTTTGG GTCCCAAAC T AACCATCTCG GAGCTGGGCT 3360
 CCTCATTTAC TGCCAAACCC TCAGNCTTAT GTAGCNTAGA AAGGGCCCTG GANGTGNAGA 3420
 45 AAGCCTGGAT TTTCAAATTG ATGCTCCCTT ACTNGACTAG NCTGTGCCAC TCNTGGGCAA 3480
 ATGCTCTTCC TTGAGCCTGT TTCCACACCT GTAAAGTGGG GATGATGATC CTATCTCACT 3540
 GCTTTTNGTG NAGGATTACA GGNAAAGCA CCTGTCTCTG CTCTGTACCT GGCACGTAGT 3600
 ANGGTGCTGA GTTTCCTTCC TGCTGTGACG GAGGCTAGTG TGGAAGAGGT CCTGTCTCA 3660
 50 CACCTCGGCT GCATGCACCC TGCTGTGACG GAGGCTAGTG TGGAAGAGGT CCTGTCTCA 3720
 GGGAAATTAAC TGTCTTATTG GGAGACAACA ACTGTCTCTC TTGGAACACC CAAGAAACCA 3780
 TGNCAAAGCA GTGGACAACA CAGAACACGN CCCTCCTCCT CGCTGCCTGC AGCTNCCAAT 3840
 CTGATTCTGC TTGGGAATGG GCGGANACG NTGGGCTGCT TAACTGCTGT ATAGGACAAG 3900
 CCCCTTACCC CTCTCTGGGC CCATGAATTC CTGGCTTGGT TTATGTTCTG ATTTGACACA 3960
 CTGATTTTAA TCTTCGAATC ATGACACTGA GTGCAGAGGA GGTGGCATTG CGACAGCAGG 4020
 55 ACATACATGT TNGGTGTGAA GACTGGGACG ACATGGGTA GAATCTAGTT TTTAATTATT 4080
 ATTAATATAA AGGATCAAAAT TAATTTAAAT ATGAATCTGA AGTCCACAGA ACTTTNNNNN 4140
 AAGTGCTGTC CAGGCCAACA CTTTGGTAAA ATGCAAATTA TGATATGGAC GTTATCATTG 4200
 GTCTGGTGAG ATGTTTCATA TTTGTGACAG TTAATTTAAA AATTATGACT TAATGCTGCC 4260
 TGTGTCTATG GGGTCTGTCT TTCTTTGATA GCCATCTATT CATCTGGATC ATGGGACCCT 4320
 60 CTCTAATCCT TCCACCAATC AAATAAGCTA TTGCTATTGG TTTGGAGTTG AGATATCAGT 4380
 CTCGGAAACT TCTGAAAAAT GCTAATAATT ACCCAAGGAT TATGTCAAAT TTTAAAATAA 4440
 ATGTGTGTGT GTTCTTTT

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 615:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1562 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 615

```
25 TGGAGGCAGC TAGCGCGAGG GTGGGGAGCG CTGAGCCGCG CGTCGTGCCC TCGCCTGCCC 60
   AGACTAGCGA ACAATACAGT CAGGATGGCT AAAGGTGACC CCAAGAAACC AAAGGGCAAG 120
   ATGTCGCTT ATGCCTTCTT TGTGCAGACA TGCAGAGAAG AACATAAGAA GAAAAACCCA 180
   GAGGTCCTTG TCAATTTTGC GGAATTTTCC AAGAAGTGCT CTGAGAGGTG GAAGACGATG 240
   TCCGGGAAAG AGAAATCTAA ATTTGATGAA ATGGCAAAGG CAGATAAAGT GCGCTATGAT 300
30 CGGGAAATGA AGGATTATGG ACCAGCTAAG GGAGGCAAGA AGAAGAAGGA TCCTAATGCT 360
   CCCAAAAGGC CACCGTCTGG ATTCTTCTG TTCTGTTTCA AATTCGCCC CAAGATCAA 420
   TCCACAAACC CCGGCATCTC TATTGGAGAC GTGGCAAAAA AGCTGGGTGA GATGTGGAAT 480
   AACTTAAATG ACAGTGAAAA GCAGCCTTAC ATCACTAAGA CGGCAAAGCT GAAGGAGAAG 540
   TACGAGAAGG ATGTTGCTGA CTATAAGTCG AAAGGAAAGT TTGATGGTGC AAAGGGTCCT 600
35 GCTAAAGTTG CCCGGAAAAA GGTGGAAGAG GAAGATGAAG AAGACGGGGG GGGGGGGGGG 660
   GGGGGGGGGG GGGGGACGTA TAGTCGGGTC GGCTGGTGGG GTAGCCCAAA AGAAGGGGAG 720
   CGCCGTAAAT GACACATCTC TTATTTGAGA AGTGTCTGTT GCCCTCATTA GGTTTAATTA 780
   CAAAATTTGA TCACGATCAT ATTGTAGTCT CTCAAAGTGC TCTAGAAATT GTCAGTGGTT 840
   TACATGAAGT GGCCATGGGT GTCTGGAGCA CCCTGAAACT GTATCAAAGT TGTACATATT 900
40 TCCAAACATT TTTAAATGA AAAGGCACTC TCGTGTCTC CTCACCTCTG GCACTTTGCT 960
   GTTGGTGTGA CAAGGCATTT AAAGATGTTT CTGGCATTIT CTTTTTATTT GTAAGGTGGT1020
   GGTAACATAT GTTATTGGCT AGAAATCCTG AGTTTTCAAC TGTATATATC TATAGTTTGT1080
   AAAAAGAACA AAACAACCGA GACAAACCCT TGATGCTCCT TGCTCGGCGT TGAGGCTGTG1140
   GGGGAAGATG CTTTTGGGAG AGGCTGTAGC TCAGGGCGTG CACTGTGAGG CTGGACCTGT1200
45 TGA CTCTGCA GGGGGCATCC ATTTAGCTTC AGGTGTCTT GTTTCTGTAT ATAGTGACAT1260
   AGCATCTGCT TGCCATCTTA GCTGTGGACA AAGGGGGGTC AGCTGGCATG AGAATATTTT1320
   TTTTTTTAAG TCGGGTAGTT TTTAACTGT TTGTTTTTAA ACAAACTATA GAACTCTTCA1380
   TTGTCAGCAA AGCAAAGAGT CACTGCATCA ATGAAAGTTC AAGAACCCTC TGTACTTAAA1440
   CACGATTCGC AACGTTCTGT TATTTTTTTT GTATGTTTAG AATGCTGAAA TGTTTTTGAA1500
50 GTTAAATAAA CAGTATTACA TTTTAAAAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA 1560
   AA
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 616:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2278 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

15

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 616

20

```

GGCAATTTCC GTTAGGTGCT GAAGGCTGTG GCGCGCGGCT GTCCCCATTC CCACGTGAAG 60
CGCTACGCTA GCATCGCTCG GCTGGCGGCT CCCAGCTCGC CGCGGAGCAG TCCCGGCAGC 120
AGCGGGGGAC CGGAAGTGGC TCGCGGAGGC TCAGAAGCTA GTCCCGGAGC CCGCGGTGTG 180
GCGCCTCGGA GCACGGTGAC GGCGCCATGT CCCTAATCTG CTCCATCTCT AACGAAATGC 240
25 CGGAGCACCC ATGTGTATCC CCTGTCTCTA ATCATGTTTA TGAGCGGCGG CTCATCGAGA 300
AGTACATTGC GGAGAATGGT ACCGACCCCA TCAACAACCA GCCTCTCTCC GAGGAGCAGC 360
TCATCGACAT CAAAGTTGCT CACCCAATCC GGCCCAAGCC TCCCTCAGCC ACCAGCATCC 420
CGGCCATTCT GAAAGCTTTG CAGGATGAGT GGGATGCAGT CATGCTGCAC AGCTTCACTC 480
TGCGCCAGAG CTGCAGACAA CCCGCCAAGA GCTGTACAC GCTCTGTACC AGCAGATGC 540
30 CGCCTGCCGT GTCATTGCCC GTCTCACCBA GGAAGTCACT GCTGCCCGAG AAGCTCTGGC 600
TACCCTGAAA CCACAGGCTG GCCTCATTGT GCGCCAGGCT GTGCCAAGTT CCCAACCAAG 660
TGTTGTGGGT GCGGGTGAGC CAATGGATTG GGGTGAGCTG GTGGGAATGA CCCAGAGAT 720
TATTGAGAAG CTTCAAGACA AAGCCACTGT GCTAACCACG GAGCGCAAGA AGAGAGGGA 780
GACTGTGCCT GAGGAGCTGG TGAAGCCAGA AGAGCTCAGC AAATACCGGC AGGTGGCATC 840
35 CCACGTGGGG TTGCACAGTG CCAGCATTCG TGGGATCCTG GCCCTGGACC TCTGCCCGTC 900
CGACACCAAC AAGATCCTCA CTGGTGGGGC GGATAAAAAT GTCGTGTGTG TTGACAAAAG 960
TTCTGAACAA ATCCTGGCTA CCCTCAAAGG CCATACCAAG AAGGTCACCA GCGTGGTGT 1020
TCACCTTCC CAGGACCTGG TGTCTCTGCT TTCCCGCAT GCCACTATCA GGATTGGTCT 1080
GGTCCCAAT GCCTCTTGTG TACAGGTGGT TCGGGCCCAT GAGAGTGCTG TGACAGGCT 1140
40 CAGCCTTCAT GCCACTGGCG ACTATCTCCT GAGCTCCTCC GATGATCAGT ACTGGGCTTT 1200
CTCTGACATC CAGACAGGGC GTGTGCTCAC CAAGGTGACA GATGAGACCT CCGGCTGCTC 1260
TCTCACCTGT GCACAGTTCC ACCCTGACGG ACTCATCTTT GGAACAGGAA CCATGGACTC 1320
TCAGATCAAG ATCTGGGACT TGAAGGAACG TACTAATGTG GCCAACTTCC CTGGCCACTC 1380
GGGCCCCATC ACTAGCATCG CTTTCTCTGA GAATGGTTAC TACCTGGCTA CAGCGGCTGA 1440
45 TGACTCCTCT GTCAAGCTCT GGGATCTGCG CAAGTTAAGA ACTTTAAGAC TTTGACAGCTG 1500
GATAACAAC TTAGGTTAAA GTCAGTATC TTTGACCAGA GTGGTACCTA CCTGGCTCTT 1560
GGGGGCACGG ATGTCCAGAT CTACATCTGC AAACAATGGA CGGAGATTCT TCACTTTACA 1620
GAGCATAGCG GCCTGACCAC AGGGGTGGCC TTCGGGCATC ACGCCAAGTT CATCGCTTCA 1680
ACAGGCATGG ACAGAAGCCT CAAGTTCTAC AGCCTGTAGG CCCTGGCCCT TCTGATGGAA 1740
50 GCTGGGCCCT ATCTCAGTAG AGGGGTAGAA TTAGGGTTTG GGGGGGGGTG GGGGGAATCT 1800
ATGGGGGGAG GGGGCTCTGT GGGGTGGGAC ATTCACATCA TTTACTCTGT GTCTGAGTGG 1860
TGGCCTGAGA ACCATGGTGG CATGGACCAC CCTCATCCAT GCAACTCCAG GCCCATGGG 1920
AACGGATGTG GAAGGAAGAA CTGTACCCTT CTTAAGGCCC AGGGTCGGAG CCCAGGGCCT 1980
CTCCCTTCTT GTCGTTCAAT GGACGTGTG GTGGCTGTTC CACACCCATT TTGTTGAGT 2040
55 TCCTGTGAGA CAGGAGAGGC TGAGCCAGG GAACTGTGAA GGGGATGGGC AGGAGGGCTT 2100
GTGCAGGGTT TTGTAAGCAG TGATCTAGTT TCATTAAAAA AAGAAAACAA TAACCATAAC 2160
CACCTCCCGG TGTCTGTCTG CACCAGGAGC ACCTGGGACT GGAAGTCAA GGGGAGGGAG 2220
CACACACTGG GACACTGGCT TCCGGGAAGC CCATCTTCCT TTCCTTTCAC AGCTCTTA 2278

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 617:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 931 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

- 20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 617

25 CAGGGGCGTG CAGCCCGCTT GCCAATCAGA GCGCGGCTGA GCGGCCCCGC AGCCAACCCC 60
 CGAGGAGCGG CCGGCTGGCG TCCGCCGCGC CCAGGAGTTG GGGATGTCCT ACAAACCCAT120
 CGCCCCTGCT CCCAGCAGCA CCCCTGGCTC CAGCACCCCT GGGCCGGGCA CCCCAGTCCC180
 TACAGGAAGC GTCCCGTCGC CGTCGGGCTC AGTGCCAGGA GCCGGCGCTC CTTTCAGACC240
 30 GCTGTTTAAAC GACTTTGGAC CGCCTTCCAT GGGCTACGTG CAGGCGATGA AGCCACCCGG300
 CGCCCAGGGC TCCCAGAGCA CCTACACGGA CTGCTGTCA GTCATAGAGG AGATGGGCAA360
 AGAGATCCGG CCTACCTATG CTGGCAGCAA GAGCGCCATG GAGCGCCTGA AGAGAGGTAT420
 CATCCATGCC CGGGCCCTAG TCAGAGAGTG CCTGGCAGAG ACAGAGCCGA ACGCCCGCAC480
 GTAACAGGAA GCGCCTCGGC CTCAGCGTCT GGACCTATCC GGCCACTGCA GAGCACCCGC540
 35 TTCTCCCTGG CCTTCATCCC GAGTTGCACT AACCATCCTG GGCTTCCTGT CCTGTGTCCC600
 TTGGTGGGTC CCCTCCAGGA ACCAAGGAGT GGCCCTCCAG GTGGCAGCAC TAAGGACACC660
 CCCCCACAAC AAGAGTTAGC AGCGAGGTCC CCATGAGTCC CACCCATGAC CTGCCGACAG720
 TGTGCCCCAC CGGAACCTTT GTGGCCCCCTA CCGCTCAGCC CTTCCCAGCA CTTCTCCCAC780
 TTTGTCCCGA GCCTCCTTCT CGCCCAGCAG GGGCACAGGC CTGGCACCTC CCTGCCTTGT840
 40 GTCCTGAGCC ATAGTACTC TTTTATCTGT GTGTCTTTG CTAAATATGC CCTTTTATA900
 TTAATAAAAG ATGATTTGGA GTTGTGCTCT C 931

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 618

- 45 (A) LÄNGE: 447 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 618:

ELPSSPPPGGL PEVAPDATST GLPDTFAAPE TSTNYPVECT EGSAGPQSLP LPILEPVKNP 60
CSVKDQTPLQ LSVEDTTSPN TKPCPPTPTT PETWGGGGGG APSSTPCSAH LTPSSLFSS120
LESSSEQKFY NFVILHARAD EHIALRVREK LEALGVDPGA TFCEDFQVPG RGELSCLQDA180
10 IDHSAFIILL LTSNFDCLRS LHQVNQAMMS NLTRQGSPDC VIPFLPLESS PAQLSSDTAS240
LLSGLVRLDE HSQIFARKVA NTFKPHRLQA RKAMWRKEQD TRALREQSQH LDGERMQAAA300
LNAAYSAYLQ SYLSYQAQME QLQVAFGSHM SFGTGAPYGV RMPFGGQGPL GAPPPFPTWP360
GCPQPPPLHA WQAGTPPPPS PQPAAFPQSL PFPQSPAFPT ASPAPPQSPG LQPLIIHHAQ420
15 MVQLGLNNHM WNQRGSQAPE DKTQEAE 447

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 619

(A) LÄNGE: 205 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 619:

ADAGGGTERS LLSLPPELLV LPGTDGAAPG GFEPHVIWD WGALWGQNAL WGPAGPGSPA 60
TLSHLAGVPA AATPARMAGW HPPTALPTAS SLSTVTALPA VPSLPYGLTR TPSEPRAATP120
35 HYPPRTDGTG GAEQPHVEPE RVPGARGQDA GGRMTACPCL TTWGTPLDPG IGQDPHHPG180
LPCALWTVED EVICHFQDIV REPFI 205

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 620

(A) LÄNGE: 409 Aminosäuren
40 (B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 620:

5 KSRLSVTLMP VQLSEHPEWN ESMHSLRISV GGLPVLASMT KAADPRFRPR WKVILTFEFG 60
AAILWLLCSH RPAPGRPPTH NAHNWRLGQA PANWYNDTYP LSPPQRTFAG IRYRIAVIAD120
LDTEPTAQDE NTWRSDLKKG YLTLSDSGDK VAVEWDKDHG VLESHLAEKG RGMELSDLIV180
FNGKLYSVDD RTGVVYQIEG SKAVPWVILS DGDGTVEKGF KAEWLAVKDE RLYVGGLGKE240
WTTTTGDVFN ENPEWVKVVG YKGSVDHENW VSNYNALRAA AGIQPPANLI HESACWSDTL300
QRWFFLPRA SQERYSEKDD ERKGANLLS ASPDFGDIIV SHVGAVVPTH GFSSFKFIPN360
10 TDDQIIIVALK SEEDSGRVS YIMAFITLDR FLLPETKIGS VKYEGIEFI 409

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 621

(A) LÄNGE: 249 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 621:

KLSPDGLAQC FRFELNELDA FVFHASDLGL RQGEAPVQRE GHDVGGDSAA VLLGFEGHND 60
LVVGVGDELE GREAVSGDHR PDVAHSDVAE VRGGAQQQVG ALALVLLAV ALLAGAAARQE120
30 EPALQRVTPA GRMLDEVSWR LDAGSSPQGV VVGHPVLVH AALVAHHLHP LRVLVHHITR180
SGRPLLAQAA HVQTLVLHCQ PFGLEAFLHG AVAVGQNHG HGFAAFDLVD DPRPVIHGVE240
FPIENNQVG 249

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 622

35 (A) LÄNGE: 255 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 622:

50

AAAPVSLHDA AGDLRRDPGG GGGGVPHGG GEGQEVVPAE PGVPAPQHA E PVAAGAAQQ 60
LQTEEQPGLQ RLRLGPVRGA ARGGDARVRG PRGDRRVNPE SARALLPGDP QGPGTAAPRA120
LGLPPRCEPV GAPLAALALA RERRERGRFP RPCKCLFFNS SQCELCCECV RGGAPALSRR180

RVATPCPCPM VCNSDFAHRS TVPPSAHPFT LTPTLSLNTF IIVRRGRWDF GRSAAATASG240
GLIFIFALRW LKAFI 255

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 623

- 5 (A) LÄNGE: 196 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 623:

20 INAFSHRNAK ININPPDAVA AALRPKSQRP RLTIKVFSE SVGVSVNGCA LGGTVERCAK 60
SELQTIGQGH GVATRRRLSA GAPPRTHSQQ SSHWHEELKNK HLQGRGKRPR SRRSRARASA120
ARGAPTGSQR GGSPSARGAA VPGPCGSPGS RARALSGFTR RSPRGPRTRA SPPRAAPLTG180
PSRSRWSFGC SSVCS 196

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 624

- (A) LÄNGE: 242 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
30 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 624:

45 VESHRAHHTH TTVRSPETAR GWKPWPRLS RYVHSPGRQP HGHGQHLFCF SGRRAFGGHP 60
RQGARASLLA LGLENSPGGS SPEERLGRLA VAGPPRGAQN VSQAGPEAEA PPLRFGHAWG120
AQTPRLGAPG PWTPLPTLPS HIPPFWSQTP AQRKEGFTEE GQGRAWPQGG DEDISGPGSC180
RLLWEEEPVCV CKLLGLAARP TAGPSLDPCT WPSSCPLAAP GLGTGIEPRG LGWLGGQGRDR240
EG 242

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 625

- 50 (A) LÄNGE: 216 Aminosäuren
(B) TYP: Protein

- (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 625:

15 GLVMPGELRR PGLGPQAHGL PSPLCPPIFP LFGPRHQHKE RRGSRQKARA EPGPREGMRT 60
FPVQVAAGCS GRKSHASVNC WGW RPAPLQG PALTPARGHP AALWLPLALA QASSLEGWAG120
WARAGTGRGS TSDPDVGWLC PPRREAQOTS YTKAKSTIGE PRSHFMGRRP RPQGPQSKAR180
GRFIPEDSFP GAAPAWGGVS RPLGCLSVCG TPWSTP 216

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 626

(A) LÄNGE: 299 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 626:

PGISVSVDKM ESSPFNRRQW TSLSLRVTA ELVLNKNKS SAIVEIFSKY QKAAEETNME 60
KKRSNTENLS QHFRKGTTLV LKKKWENPGL GAESHTDSL NSSTEIRHRA DHPPAEVTS120
AASGAKADQE EQIHPRSLR SPPEALVQGR YPHIKDGEDL KDHSTESKKM ENCLGESRHE180
40 VEKSEISENT DASGKIEKYN VPLNRLKMMF EKGEPTQTKI LRAQSRASG RKISENSYSL240
DDLEIGPGQL SSSTFDSEKN ESRRLLELPR LSETSIKDRM AKYQAAVSKQ SSSPTIPMS 299

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 627

(A) LÄNGE: 94 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 627:

DSAPSPGFSSH FFFNTVRVPF LKCWERFSVL LLFFSMFVSS AAFWYLENIS TIADDLFLLT60
RESSLAATLN DSEVHCRLLN GDDSLSTDT EIPG 94

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 628

(A) LÄNGE: 765 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 628:

IRPVVQLTAI EILAWGLRNM KNFQMASITS PSLVVECGGE RVESVVIKNL KKTPNFPSSV 60
LFMKVFLPKE ELYMPPLVIK VIDHRQFGRK PVVGQCTIER LDRFRCDPYA GKEDIVPQLK120
ASLLSAPPCR DIVIEMEDTK PLLASKLTEK EEEIVDWWSK FDASSGEHEK CGQYIQKGYS180
KLKIYNCELE NVAEFEGGLTD FSDTFKLYRG KSDENEDPSV VGEFKGSFRI YPLPDDPSVP240
APPROFREL PDSVPQECTVR IYIVRGLELQ PQDNNGLCDP YIKITLGKKV IEDRDHYIPN300
TLNPVFGRMY ELSCYLPQEK DLKISVYDYO TFTRDEKVG E TIIDLENRFL SRFGSHCGIP360
EEYCVSGVNT WRDQLRPTQL LQNVARFKGF PQPILSEDGS RIRYGGRDYS LDEFANKIL420
HQHLGAPEER LALHILRTQG LVPEHVETRT LHSTFQPNIS QGKLQMWVDV FPKSLGPPGP480
PFNITPRKAK KYLRLVIIWN TKDVILDEKS ITGEEMSDIY VKGWIPGNEE NKQKTDVHYR540
SLDGEENFNW RFVFPFDYLP AEQLCIVAKK EHFWSIDQTE FRIPPRLIQ IWDNDKFSLD600
DYLGFLELDL RHTIIPAKSP EKCRDLMIPD LKAMNPLKAK TASLFEQKSM KGWWPCYAEK660
DGARVMAGKV EMTLEILNEK EADERPAGKG RDEPNMNPCL DLPNRPETSF LWFTNPCKTM720
KFIVWRRFKW VIIGLLFLLI LLLFVAVLLY SLPNYLSMKI VKPNV 765

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 629

(A) LÄNGE: 289 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 629:

5

ETQVVIQRKL VIVPYLNDQP GWDSKFRLVN TPEMLFFRND TELFGWKVVK RENKSPVKIP 60
FTIQRSVMDI CFLFVFFIAR NPAFDVDVTH FLSCDAFLVQ DNVLGVPDDH TQVVFLGFPG120
CDVERRAWWP QTLGENIHPH LKFSLGNVGL EGAVQSPCFH VLRDQPLSPE DVKSKPLFRG180
PEVLVQDFVG FKFIQAVVSS SISDSTPIFG KDGLWEAFES GDILKQLCWS QLISPGIDSR240
10 NTVLLWYAAV GPKAGKESVF QINNCFSYFF IPGKGVIIID RNFQVFFLR 289

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 630

(A) LÄNGE: 824 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

15

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 630:

RVSVLAAASS ALPVAPREAG VTNWPAGCVP EVRSTGEKEV AKTLHRRSRP EWCGARDPPA 60
30 MLLFVLTCLL AVFPAISTKS PIFGPEEVNS VEGNSVSITC YYPPTSVMNRH TRKYWCRQGA120
RGGCITLISS EGYVSSKYAG RANLTNFPEN GTFVVNIAQL SQDDSGRYKC GLGINSRGLS180
FDVSLEVSQG PGLLNDTKVY TVDLGRTVTI NCPFKTENAQ KRKSLYKQIG LYPVLVIDSS240
GYVNPNTYGR IRLDIQGTGQ RLFSVVINQL RLSDAGQYLC QAGDDSNSNK KNADLQVLKP300
EPELVYEDLR GSVTFHCALG PEVANVAKFL CRQSSGENCD VVVNTLGKRA PAFEGRILLN360
35 PQDKDGSFSV VITGLRKEDA GRYLCGAHSD GQLQEGSPIQ AWQLFVNEES TIPRSPTVVK420
GVAGGSVAVL CPYNRKESKS IKYWCLWEGA QNGRCPLLVD SEGWVKAQYE GRLSLLEEPG480
NGTFTVILNQ LTRDAGFYW CLTNGDTLWR TTVEIKIIEG EPNLKVPGNV TAVLGETLKV540
PCHFPCFKSS YEKYWCKWNN TGCQALPSQD EGPSKAFVNC DENSRLVSLT LNLVTRADEG600
WYWCQVKQGH FYGETAAVYV AVEERKAAGS RDVSLAKADA APDEKVLD SG FREIENKAIQ660
40 DPRLFAEKA VADTRDQADG SRASVDSGSS EEQGGSSRAL VSTLVPLGLV LAVGAVAVGV720
ARARHRKNVD RVSIRSRYTD ISMSDFENS EFGANDNMGA SSITQETSLG GKEEFVATTE780
STTETKEPKK AKRSSKEEAE MAYKDFLLQS STVAEEAQDG PQEA 824

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 631

45

(A) LÄNGE: 267 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 631:

ADIAGPRCLP LFNCHIDGCS LSIEVALLHS TPVPALISPG HQVQGQGDGP AVLVTVHEGL 60
AGAFVLAGQG LAARVIPLAP VFLVRGEFAW KVTGDLESLS QHSRDIPWYL EVWFSFDNLD120
10 LHGGPPESIA VGQTPVEAGV PAGELVEDDS EGAVAWLLQQ GEALVLGLN PPLAVHQQGA180
AAILGPPFET PVLDAFAFLT VVGAEHGHRA SCHPLHHSQA AGNRGLLIDE ELPGLDRRAF240
LQITIRMGST QVAPCILLPQ ACDHHTTE 267

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 632

15 (A) LÄNGE: 140 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 632:

30

GETRVHSQQG GGIKAPSWDW FFREPGPLVK GLLGHVKQYL EQPRPWGYQV ERREGRRRLPC 60
THLPWWAGFS LLGSTLPSPV HDTDPRASPC PRPSYRLLFQ DITDNPERME KGGAWVPAVS120
GQKEVACGNL RSPHPRFPKR 140

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 633

35

(A) LÄNGE: 127 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 633:

VFPCHLVGAG PTPATTSGTA KGSTRCDYPG PCWQLRIPGT CSDPVSGSSE SQEPRMRALC 60

SPSSKTQGSF PRKGAHVPQR GWLPGCYLFY PTSAAESQGE TASHPKPLGF SREKNLSQKH120
DLFSGCK 127

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 634

- 5 (A) LÄNGE: 140 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 634:

20

HHQKHMQGKG SYWASGLLSP WLGRKGREDG WGSIFGIDDV HEFGLEGSTT HKEAIHIRLA 60
GQLLAGCPSH RASINDTGAL SHRIRDVGLQ PSSELLVYFL GLLGCCSLAS TNGPHRLIGQ120
DDLAPVLHVI CDDLLVWVEG 140

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 635

25

- (A) LÄNGE: 101 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 635:

KVIADNVKDW SKVVLAYEPV WAIGTGKTAT PQQAQEVHEK LRGWLKSNVS DAVAQSTRII 60
YGGSVTGATC KELASQPDVD GFLVGGASLK PEFVDIINAK Q 101

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 636

45

- (A) LÄNGE: 329 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 636:

15

DSIFPLWAVL ALSPPGIRVR MKKSSVSGMT AAGWVVWGEA EGKAALRLGV EFLEVWGGGR 60
VFNLEKSQPA RAERECERGS SEGARNVGG SGGRSVAVAL VHQHGVRLLG DLQQRVHVGA120
APAPQVAGLP PLRAALVVVG AHLHHLGGLE HFHLALADLL DVEGEGWHLV DRGLGARVHH180
VVGREGFAQL VPRRLQFLAP LGGHQARAQL VHALLQGVPR LLQVFLGLEA RLLQVLGTH240
LGLLHLLLE GELEVVHAPQ ALRLIRSARD SSITSSTSTA SDESSSAAA SSSGRSPSPS300
SSPSFSGSAS DSFSDLLMLS LAGSFTSSW 329

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 637

20

(A) LÄNGE: 362 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 637:

35

GRLPGYPD RR GPGASSAGAQ AAEEPSGAGS EELIKSDQVN GVLVLSLLDK IIGAVDQIQL 60
TQAQLEERQA EMEGAVQSIQ GELSKLGKAH ATTSNTVSKL LEKVRKVS VN VKTVRGS LER120
QAGQIKKLEV NEAELLRRRN FKVMYQDEV KLPKLSISK SLKESEALPE KEGEELGEGE180
RPEEDAAALE LSSDEAVEVE EVIEESRAER IKRRACGAWT TSRRPSPRRR WRRPRCVPAR240
40 TWRRRASRPR KTWRRRGTPW RSA 263

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 638

45

(A) LÄNGE: 205 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 638:

SGDLRLLVDT SKVQEAHVPS QDTHHTQELL AVQGSLSVGY RPPGGFGAAP VHEDPHLLGP 60
ASRGAPETAA FFFFFFFF EQHLRVGLLL LPPRLSPRPG PAWPVPNPVG WPGHLHQGGQ 120
LLAGTNKPFH LAMVVVFSMD RGPETRAGR REHTSLGVGT SLXTPQQLXG PRXXFPXAVQ 180
10 ASPXPGVCSL AWVELCHIXD KQXGG 205

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 639

(A) LÄNGE: 171 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
15 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 639:

PVTPRDXPGA GGSXEGPMQ HPGSRPXPL AXPAPXWXL APCGALTCWA RLXLGLSAPX 60
30 LLIXDVTELD PSQAAHSWTW ASLHCXGKXX PRAXKLLRGX EAGAHPQASV FSAPPCPRFR120
ASVHREHHH GQVEGFISPC QQLSSLVQVA WPAHWIGDGP GWARSGAQSG R 171

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 640

(A) LÄNGE: 161 Aminosäuren
35 (B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
45 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 640:

ISRNEGVLR GPKSPRSLR SHSEPPALVL WRDHLVPGT DYCKDTALVP TEKNTGQGEH 60
50 TFSQYLATPH SELTITHGKW VHSSLWSDPA GLGRQEQHSS SSLSPRQRES LNCKRSGAYT120
VREKEKGGRK GFSPRPPRDA HREGGKEREK SVLESEATLS K 161

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 641

- 5 (A) LÄNGE: 127 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 641:

20 CAYRTEKWKS HTVPCSPEVK LVLTLALRAF SSMEPLGLGR KARVSAHRHT SYLQDIDCLC 60
RGSTGQPTAN TAASLVASL LPVHPGDYSW INLPKNSAFI MSLFCSKTQN GSLPPRGRPS120
HHCIPNR 127

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 642

- 25 (A) LÄNGE: 136 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

35 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 642:

40 WGXGRVRVXG WXRKPMKXGI PPEXHGPITA DGHRLXXLP PXGXRCXXAD PKGXGLXALF 60
XKXPPXEXCL LSXXPXXPVT HRAGMEFNGX FWXXTLVHGQ TSLXGYXTR LKXKIVCCHS120
SGXWSVCGLH RFHRNQ 136

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 643

- 45 (A) LÄNGE: 132 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 643:

GRXSRAWGLG CPSLLSPISL RLPVPPPRPP NLRPPATPGA PTXPXQNTAX LKXLELSXX 60
LSGLGLMGXR AGTCTWVAXE AHEDXDTPRV PWTXYXRWSS XPXAIATXGX SLXXGRPQRE120
XPXRVVXKXT TX 132

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 644

(A) LÄNGE: 131 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 644:

GVETTANSST SLRSTTLEKE VPVIFIHPLN TGLFRIKIQG ATGKFNMVIP LVDGMIVSR 60
ALGFLVRQTV INICRRKRLE SDSYSPMSA GNRKSPTLST STGTSSWSQS FILHFSRRLD120
SRTAVLRPLN F 131

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 645

(A) LÄNGE: 86 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 645:

LTNMSDHLFG WLLLEMAVVM FSGLCQPTDP CQVLEILLLP RCYFSAGIKL LXVARPRTSK60
DSCYSATVYT AHLSSYSHVLS SLVRLF 86

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 646

5

- (A) LÄNGE: 96 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 646:

KAPNPSVLHT VRMQLIADRC CELYICKRCF TTSAGFITAS WSRVAILPAI PAKQTPENYP60
LRSGVLRKFL EPKIRRNPGI SFLRSKMYQ LRPGEH 96

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 647

25

- (A) LÄNGE: 92 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 647:

SSACRCTTRS TGQQAASGR CGGPRGWGPS TGATPRQLTM NIPFQSIHFI TYEFLQEQVN60
PHRTYNPQSH IISGGLAGAL AAAARGPLDV LR 92

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 648

45

- (A) LÄNGE: 280 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 648:

AVGSAALFKD GGGTSAAEA GAAGQRLRSV NCLAYDEAIM AQQDRIQQEI AVQNPLVSR 60
LELSVLYKEY AEDDNIYQQK IKDLHKKYSY IRKTRPDGNC FYRAFGFSHL EALLDDSKEL120
QRFKAVSAKS KEDLVSQGFT EFTIEDFHNT FMDLIEQVEK QTSVADLLAS FNDQSTSDYL180
15 VVYLRLLTSG YLQRESKFFE HFIEGGRTVK EFCQQEVEPM CKESDHIHII ALAQALSVS1240
QVEYMDRGEG GTTNPHIFPE GSEPKVYLLY RPGHYDILYK 280

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 649

20

(A) LÄNGE: 244 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 649:

35 DHLQPQKNLC TCLAPGRGGQ QGSSGLEPAL FVEDIVVSRP VEKVDLGLGA LREDVRIGGA 60
ALAAVHVHLH DGHAELGQR NDVDVVALLA HGLHLLLAEL LDSPSTLDEV LEELALALQV120
ARGEQPQVDH KVVGGALVIE GGQQVGDRL LLHLLNQVHE RVVEILNCEF SEALGHQVFL180
ALGRHSLEPL QLLAVIQCL QVGESESPIE TVAVRPGLAD VRVLFVEVLD LLLIDVVIFS240
40 ILLV 244

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 650

(A) LÄNGE: 424 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 650:

5

LTTCVSSSA PSKTS LIMNP HASTNGQLSV HTPKRESLSH EEHPHSHPLY GHGVCKWPGC 60
EAVCEDFQSF LKHLNSEHAL DDRSTAQCRV QMQVVQQL ELQLAKDKERLQ AMMTHLHVKS120
TEPKAAPQPL NLVSSVTLSK SASEASQSL PHTPTTPTAP LTPVTQGSPV ITTSMHTVG180
PIRRYS DKY NVPIS SADI A QNQEFYKNAE VRPPFTYASL IRQAILESPE KQLTLNEIYN240
10 WETRMFAYFR RNAATWKNAV RHNLSLHKCF VRVENVKGAV WTVDEVEFQK RRPQKISGNP300
SLIKNMQSSH AYCTPLNAAL QASMAENSIP LYTTASMGNP TLGNLASAIR EELNGAMEHT360
NSNESDSSPG RSPMQAVHPV HVKEEPLDPE EAEGPLSLVT TANHSPDFDH DRDYEDEPVN420
EDME 424

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 651

15

- (A) LÄNGE: 117 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 651:

STNAGCTAVR ATACKRQRAP ASHDDPPACE VYRTQSRPSA LESGIKCHSL QVRIGGFSTE 60
LTSYSNDPNR PPDSRHPRPL CHHNHQHAHG GTHPQAVLRQ IQRAHFVSRY CAEPRIL 117

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 652

35

- (A) LÄNGE: 426 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 652:

PEAGLFSCSE QSDFFEHI FI MIHTNLKKKF SCCVLVFL LF AVICVWKEKK KGSYYDSFKL 60

QTKFEQVLKS LGKLAGSDS QSVSSSTQD PHRGRQTLGS LRGLAKAKPE ASFQVWNKDS120
 SSKNLIPRLQ KIWKNYLSMN KYKVSYKGGP PGIKFSAEAL RCHLRDHVNV SMVEVTDFPF180
 NTSEWEGYLP KESIRTKAGP WGRCAVVSSA GSKSSQLGR EIDDHDAVLR FNGAPTANFQ240
 QDVGTKTIR LMNSQLVTE KRFLKDSLYN EGILIVWDPS VYHSDIPKPY QNPDYNFFNN300
 5 YKTYRKLHPN QPFYILKPQM PWELWDILQE ISPEEIQPNP PSSGMLGIII MMTLCDQVDI360
 YESLPSKRKT DVCYYYQKFF DSACTMGAYH PLYEKNLVK HLNQGTDEDI YLLGKATLPG420
 FRTIHC 426

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 653

10 (A) LÄNGE: 139 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 653:

25 RCVQGSFVL SRKTSLLAN PPGAAGPSGP QELALLSMGG KVVWVCRPRP IFLRMKTHL 60
 CWFMVTCAAG FGDAEVCRSI SGGLDAVLFP SLWCWLCGLC GTFCPLARCT LGRGGCGCSA120
 RSVAARSAP TPVGIGSLC 139

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 654

30 (A) LÄNGE: 243 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
 (iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 654:

50 WRQLARGWGA LSRASCPALP RLANNVTRMA KGDPKKPKGK MSAYAFFVQT CREEHKKKNP 60
 EVPVNFAEFS KKCSEWRKTM SGKEKSKFDE MAKADKVRD REMKDYGPAK GGKKKKDPNA120
 PKRPPSGFFL FCSEFRPKIK STNPGISIGD VAKKLGEWNN NLNDSEKQPY ITKTAKLKEK180
 YEKDVADYKS KGKFDGAKGP AKVARKKVEE EDEEDGGGGG GGGGGTYSRV GWWSSPKEGE240
 RRN 243

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 655

(A) LÄNGE: 110 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 655:

TEQESRRWP FGSIRILLLL ASLSWSIILH FPIIAHFICL CHFIKERFLF PGHRLPPLRA 60
LLGKFRKIDR DLWVFLMFF SACLHKEGIS GHLALWFLGV TFSHPDCIVR 110

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 656

(A) LÄNGE: 356 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 656:

VGCSHAAQLH SAPELQTTRQ ELSHALYQHD AACRVIARLT KEVTAAREAL ATLK PQAGLI 60
VPQAVPSSQP SVVGAGEPMD LGELVGMTPE IIQKLQDKAT VLTERKKRG KTVPEELVKP120
40 EELSKYRQVA SHVGLHSASI PGILALDLCP SDTNKILTGG ADKNVVVFDK SSEQILATLK180
GHTKKVTSVV FHPSQDLVFS ASPDATIRIW SVPNASCQVQ VRAHESAVTG LSLHATGDYL240
LSSSDQYWA FSDIQTGRVL TKVTDETS GC SLTCAQFHPD GLIFGTGTMD SQIKIWDLKE300
RTNVANFPGH SGPITSIAFS ENGYLATAA DDSSVKLWDL RKLRTLRLCS WITTLR 356

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 657

45

(A) LÄNGE: 240 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 657:

10

LAQIPELDRG VISRCSQVVT ILREGDASDG ARVAREVGHI STFLQVPDLD LRVHGSCSKD 60
ESVRVELCTG ERAAGGLICH LGEHTPCLDV RESPVLIIGG AQEIVASGMK AEACHSTLMG120
PNHLYTRGIG DRPNPDSGIG GSRKHQVLGR VKHHAGDLLG MAFEGSQDLF RTFVKHNDIF180
IRPTSEDLVG VGRAEVQGD PRNAGTVQPH VGCHLPVFAE LFWLHQLLRH SLPSLLALRG240

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 658

(A) LÄNGE: 162 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 658:

EHNSKSSFIN IKRAYLAKDT QIKESLWLRT QGREVPGLCP CWARRRLGTK WEKCWEGLSG 60
RGHKSSGGQH CRQVMGGTHG DLAANSCCGG VSLVLP PGGP LLGSRGPTK GHRTGSPGWL120
35 VQLGMKAREK RVLCSGRIGP DAEAEALPVT CGRSALSLPG TL 162

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 659

(A) LÄNGE: 148 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

40

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 659:

RLWTAFHGLR AGDEATRRPG LPEHLHGPAV SHRGDQQRDP AYLCWQOERH GAPEERYHPC 60
PGPSQRVFGR DRAERPHVTG SASASASGPI RPLQSTRFSL AFIP SCTNHP GLPVLCPLVG120
5 PLQEPRSGPP GGSTKDTFPQ QELAARSP 148

Patentansprüche

- 5 1. Eine Nukleinsäure-Sequenz, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodiert, umfassend
- a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe Seq. ID No 1-88, 90-96, 98-120, 123-140, 142-144, 597-617.
- 10 b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen oder
- 15 c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.
- 20 2. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq. ID No 1-157, 597-617, oder eine komplementäre oder allelische Variante davon.
- 25 3. Nukleinsäure-Sequenz Seq. ID No 1-157, 597-617, dadurch gekennzeichnet, daß sie in Pankreastumorgewebe erhöht exprimiert sind.
- 30 4. BAC, PAC und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID No 1-157, 597-617, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.
- 35 5. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 90% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
- 40 6. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 95% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
- 45 7. Eine Nukleinsäure-Sequenz, umfassend einen Teil der in den Ansprüchen 1 bis 6 genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 6 hybridisieren.
- 50 8. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp aufweist.

9. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4000 bp aufweist.
- 5 10. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodiert.
- 10 11. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, zusammen mit mindestens einer Kontroll- oder regulatorischen Sequenz.
- 15 12. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß Anspruch 11, worin die Kontroll- oder regulatorische Sequenz ein geeigneter Promotor ist.
- 20 13. Eine Expressionskassette gemäß einem der Ansprüche 11 und 12, dadurch gekennzeichnet, daß die auf der Kassette befindlichen DNA-Sequenzen ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.
- 25 14. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 10 zur Herstellung von Vollängen-Genen.
- 30 15. Ein DNA-Fragment, umfassend ein Gen, das aus der Verwendung gemäß Anspruch 14 erhältlich ist.
- 35 16. Wirtszelle, enthaltend als heterologen Teil ihrer exprimierbaren genetischen Information ein Nukleinsäure-Fragment gemäß einem der Ansprüche 1 bis 10.
- 40 17. Wirtszelle gemäß Anspruch 16, dadurch gekennzeichnet, daß es ein prokaryontisches oder eukaryontische Zellsystem ist.
- 45 18. Wirtszelle gemäß einem der Ansprüche 16 oder 17, dadurch gekennzeichnet, daß das prokaryontische Zellsystem E. coli und das eukaryontische Zellsystem ein tierisches, humanes oder Hefe-Zellsystem ist.
- 50 19. Ein Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids oder eines Fragments, dadurch gekennzeichnet, daß die Wirtszellen gemäß den Ansprüchen 16 bis 18 kultiviert werden.

20. Ein Antikörper, der gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet ist, welches von den Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No 1-157, 597-617 kodiert wird, das gemäß Anspruch 19 erhältlich ist.
- 5 21. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20, dadurch gekennzeichnet, daß er monoklonal ist.
- 10 22. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20 dadurch gekennzeichnet, daß er ein Phage-Display-Antikörper ist.
23. Polypeptid-Teilsequenzen, gemäß den Sequenzen Seq. ID No 158-596, 618-659.
- 15 24. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 23, mit mindestens 80%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
- 20 25. Ein aus einem Phage-Display hervorgegangenes Polypeptid, welches an die Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 23 binden kann.
- 25 26. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 23, mit mindestens 90%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
27. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No 158-596, 618-659, als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Pankreastumor.
- 30 28. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No 1-157, 597-617 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Pankreastumor verwendet werden können.
- 35 29. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 1-157, 597-617 in sense oder antisense Form.
- 40 30. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No 158-596, 618-659 als Arzneimittel in der Genterapie zur Behandlung des Pankreastumors.
- 45 31. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No 158-596, 618-659, zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung gegen den Pankreastumor.
- 50 32. Arzneimittel, enthaltend mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No 158-596, 618-659.

- 5 33. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine genomische Sequenz ist.
34. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine mRNA-Sequenz ist.
- 10 35. Genomische Gene, ihre Promotoren, Enhancer, Silencer, Exonstruktur, Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No 1-157, 597-617.
- 15 36. Verwendung der genomischen Gene gemäß Anspruch 33 zusammen mit geeigneten regulativen Elementen.
- 20 37. Verwendung gemäß Anspruch 36, dadurch gekennzeichnet, daß das regulative Element ein geeigneter Promotor und/ oder Enhancer ist.
- 25 38. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 300 bis 3500 bp aufweist.

Systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank

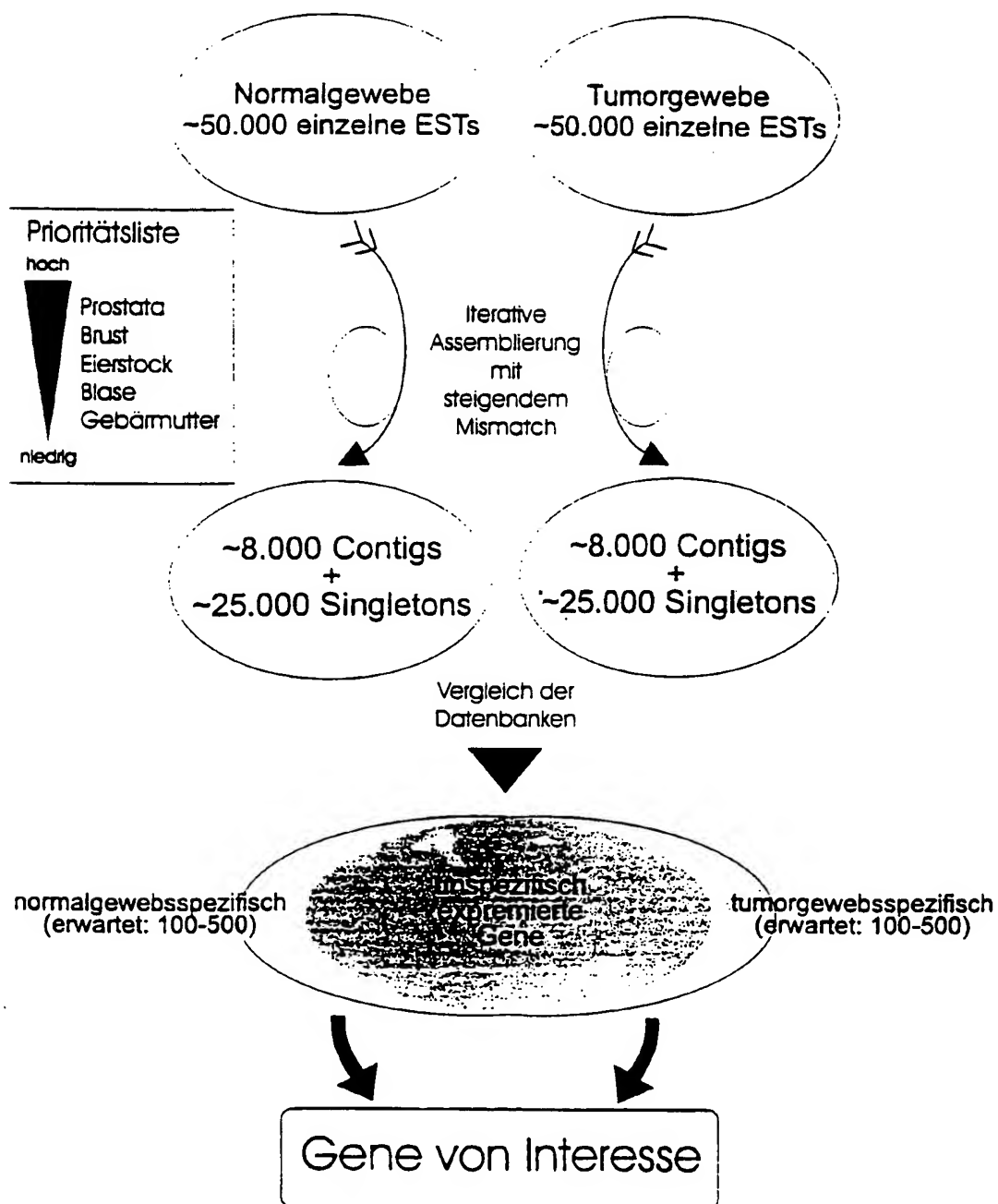


Fig. 1

Prinzip der EST-Assemblierung

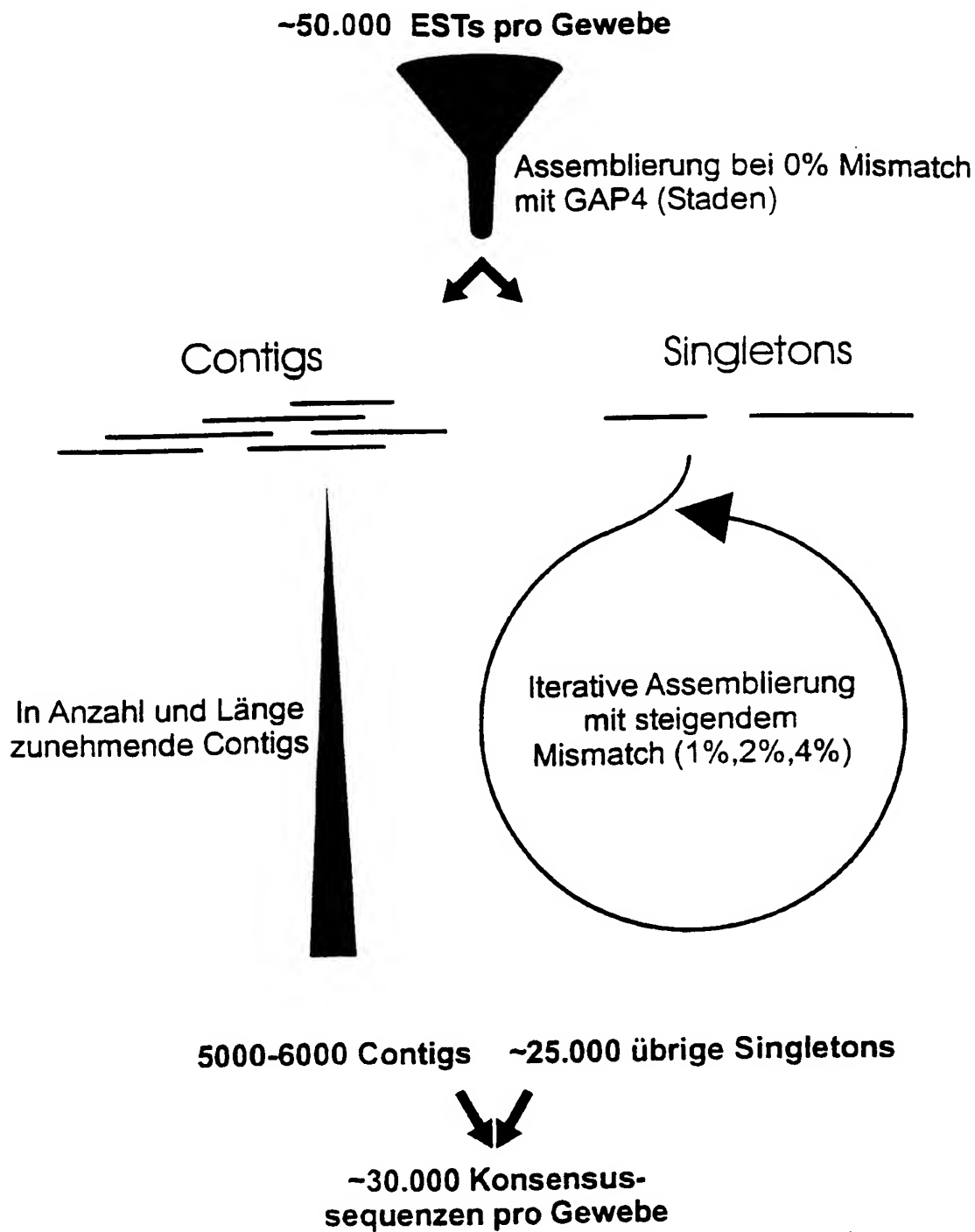


Fig. 2a

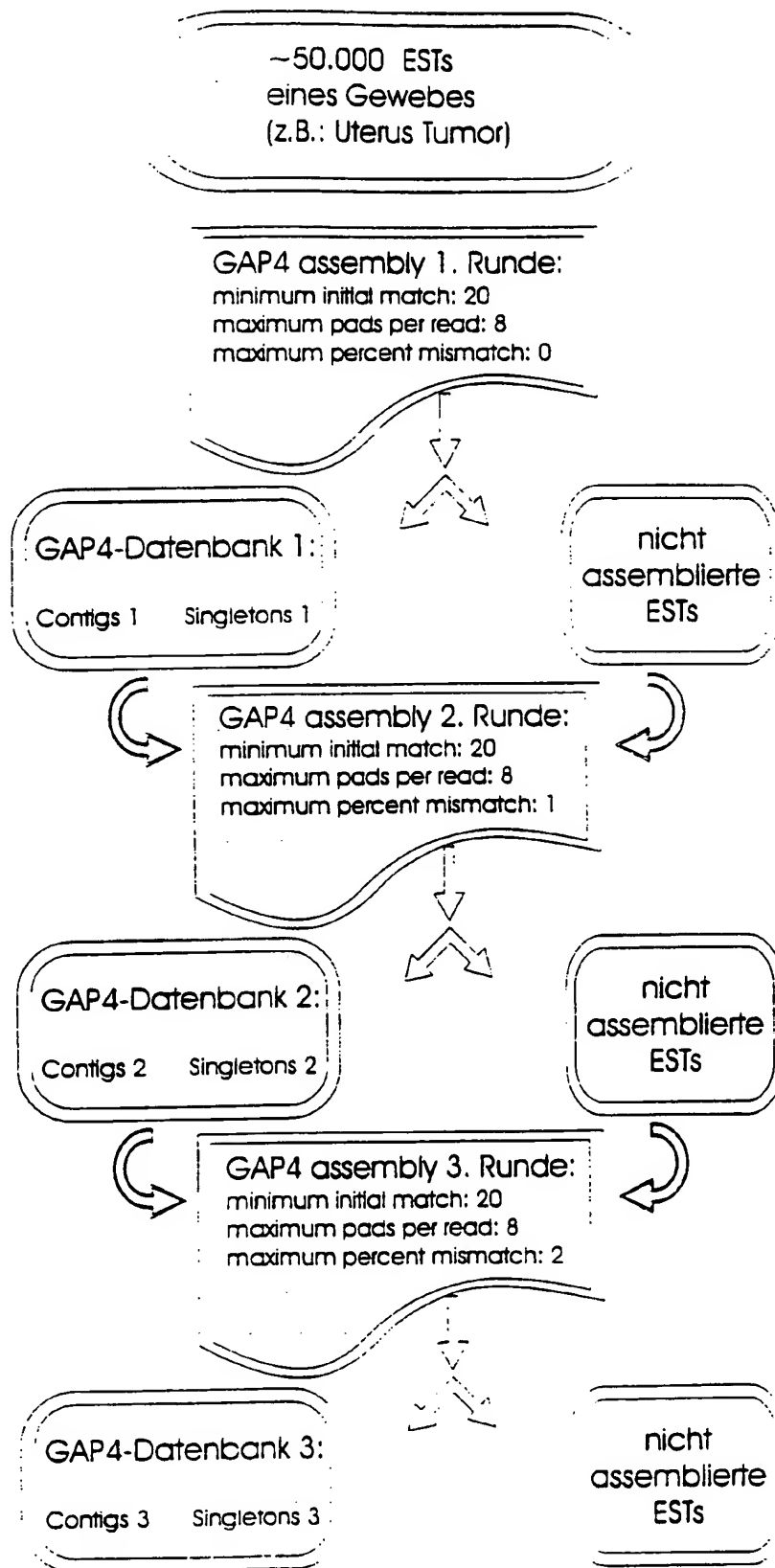


Fig. 2b1

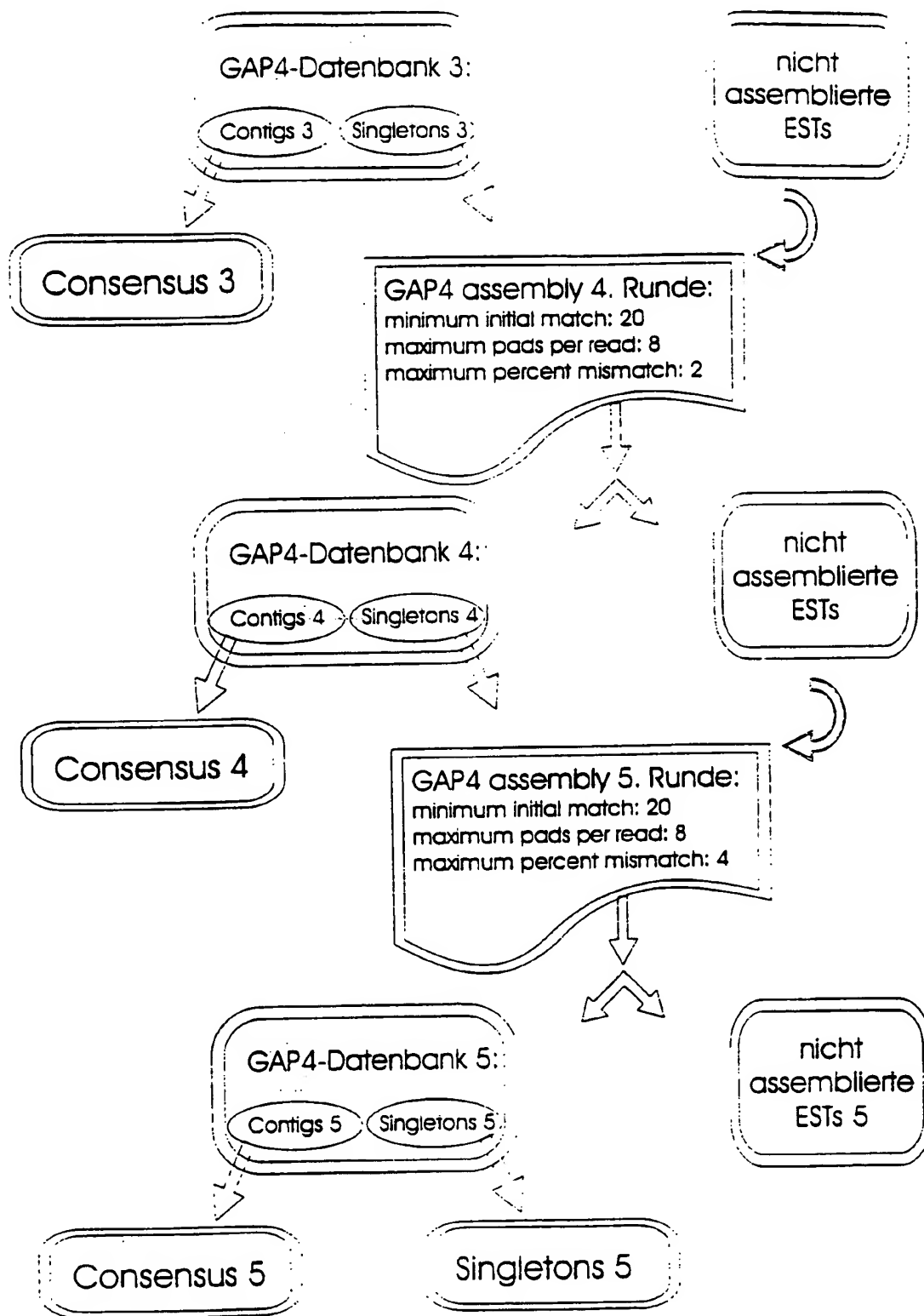


Fig. 2b2

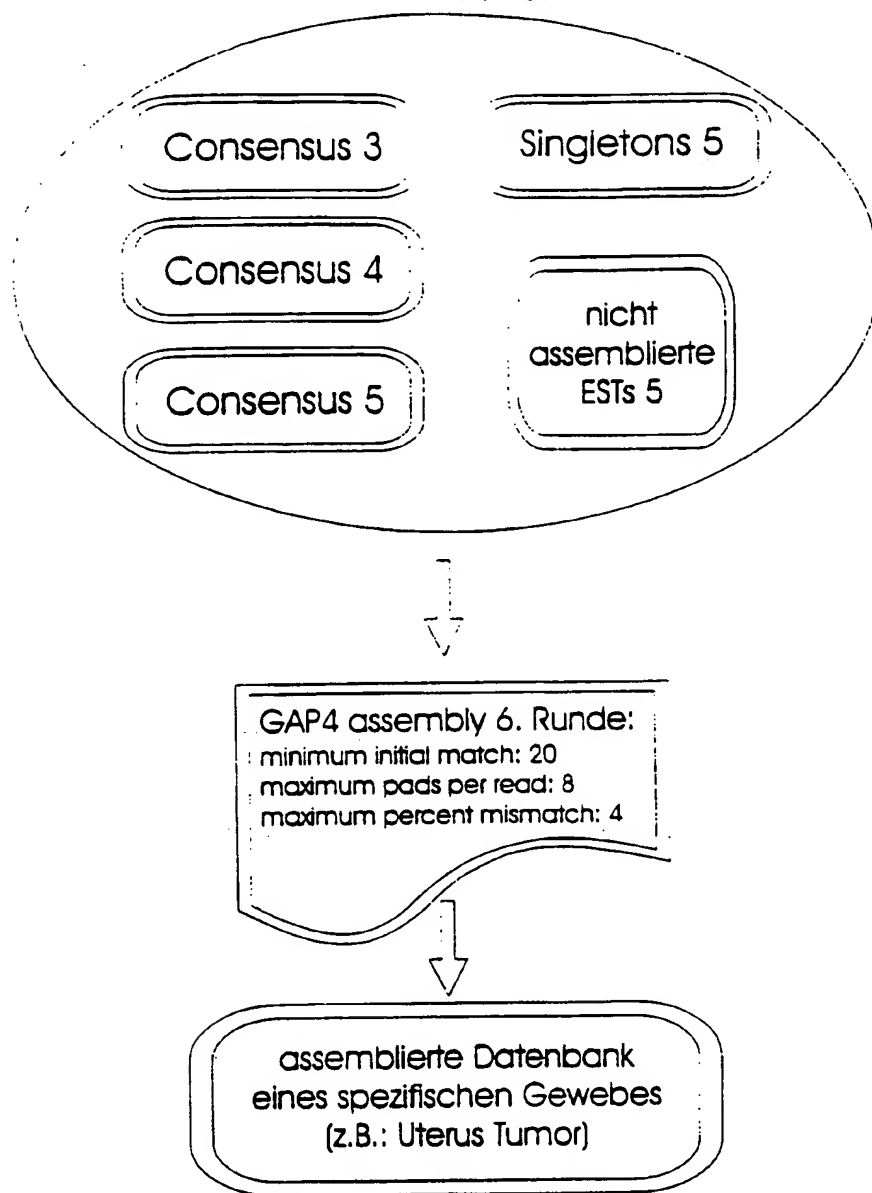


Fig. 2b3

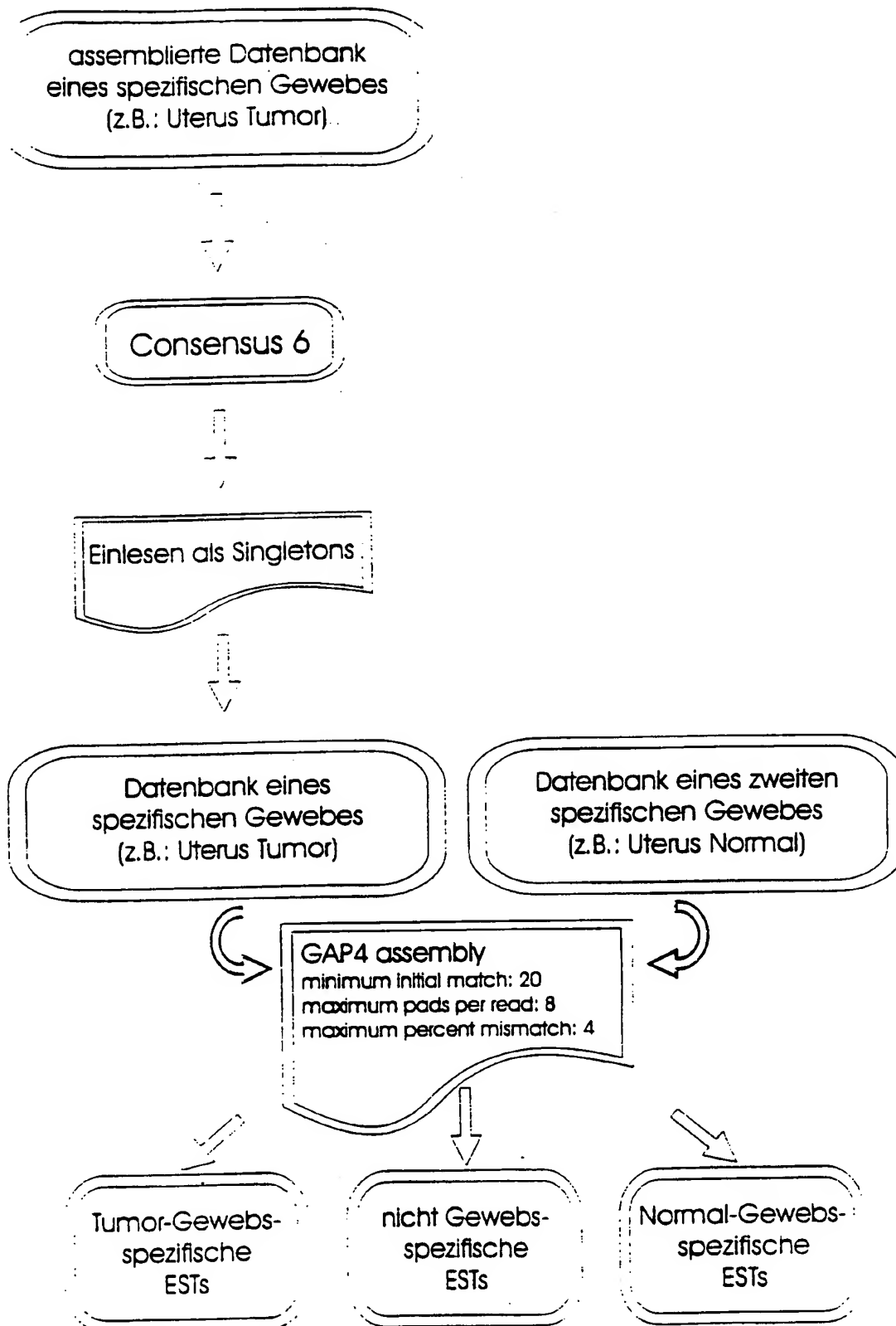


Fig. 2b4

In silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben

WO 99/55858

7 / 10

PCT/DE99/01258

~30.000 Konsensussequenzen
Normalgewebe

~30.000 Konsensussequenzen
Krebsgewebe

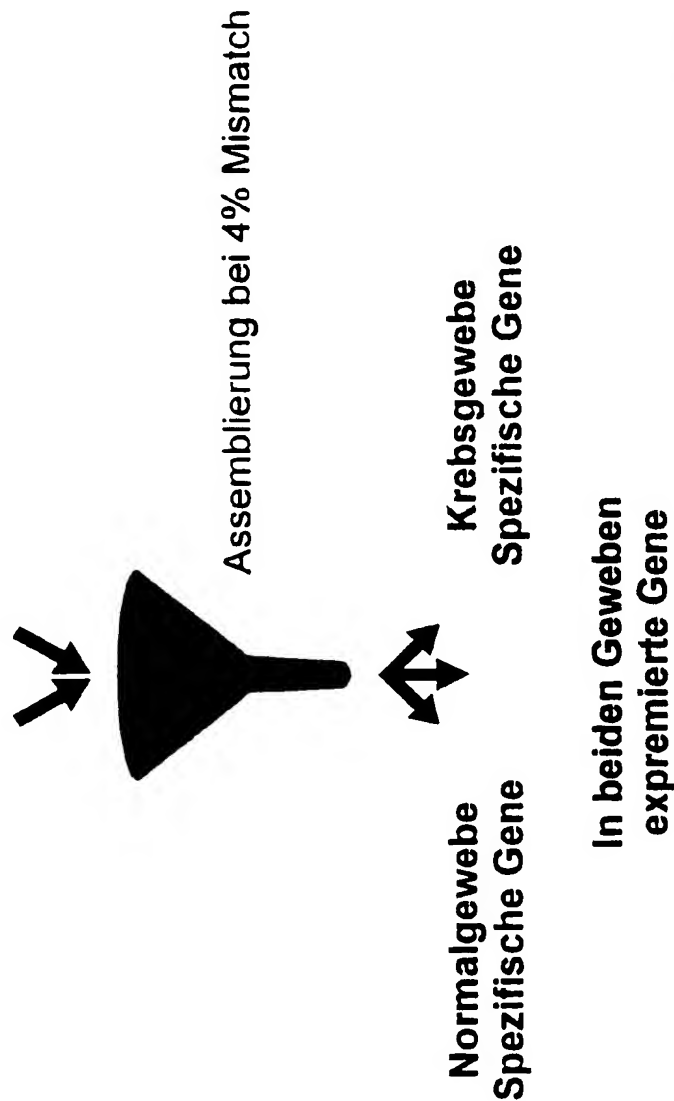


Fig. 3

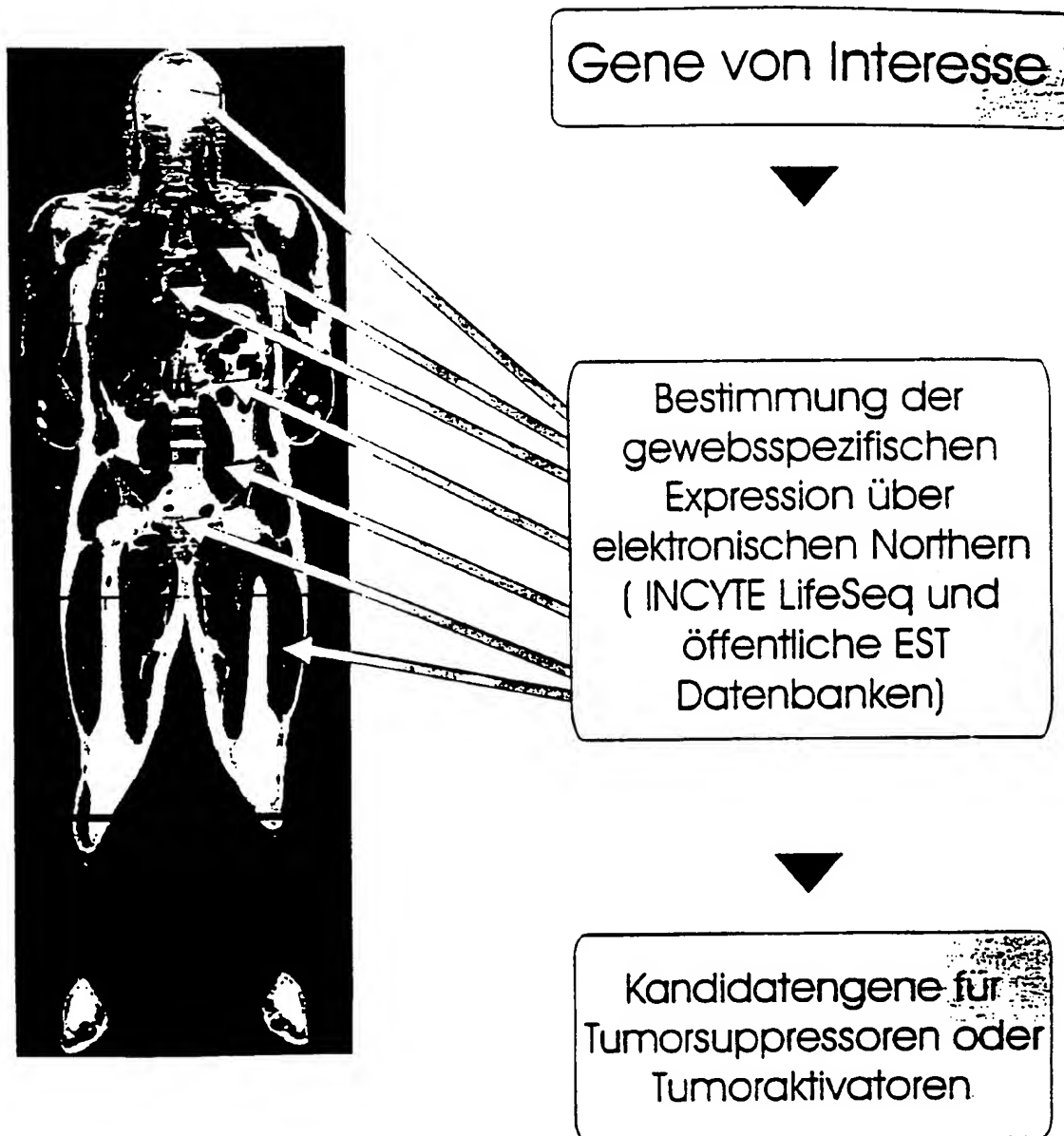


Fig. 4a

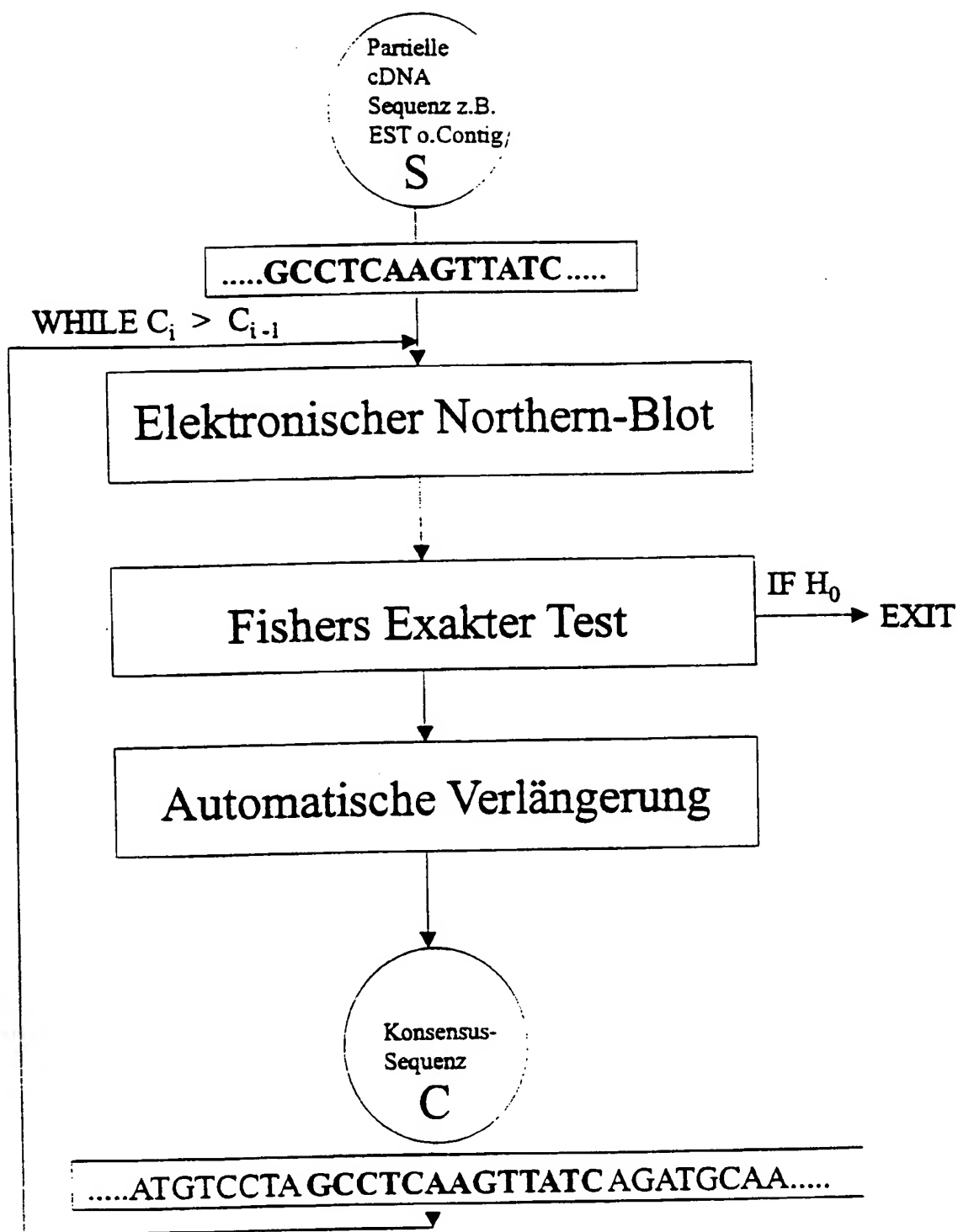


Fig. 4b

Isolieren von genomischen BAC und PAC Klonen



Chromosomale Klon-Lokalisation über FISH



Hybridisierungssignal



Sequenzierung von Klonen, die in Regionen lokalisiert sind, die chromosomale Deletionen in Prostata- und Brustkrebs aufweisen, führt zur Identifizierung von Kandidatengenen



Bestätigung der Kandidatengene durch Screening von Mutationen und/oder Deletionen in Krebsgeweben

Fig. 5



(51) Internationale Patentklassifikation ⁶: C12N 15/12, C07K 14/435, C12N 15/63, 15/85, C07K 16/18, A61K 38/17, 48/00	A3	(11) Internationale Veröffentlichungsnummer: WO 99/55858 (43) Internationales Veröffentlichungsdatum: 4. November 1999 (04.11.99)
(21) Internationales Aktenzeichen: PCT/DE99/01258 (22) Internationales Anmeldedatum: 19. April 1999 (19.04.99) (30) Prioritätsdaten: 198 20 190.7 28. April 1998 (28.04.98) DE (71) Anmelder (für alle Bestimmungsstaaten ausser US): METAGEN GESELLSCHAFT FÜR GENOMFORSCHUNG MBH [DE/DE]; Ihnestrasse 63, D-14195 Berlin (DE). (72) Erfinder; und (75) Erfinder/Anmelder (nur für US): SPECHT, Thomas [DE/DE]; Grabenstrasse 14, D-12209 Berlin (DE). HINZMANN, Bernd [DE/DE]; Parkstrasse 19, D-13127 Berlin (DE). SCHMITT, Armin [DE/DE]; Laubacher Strasse 6/II, D-14197 Berlin (DE). PILARSKY, Christian [DE/DE]; Heinrich-Lange-Strasse 13c, D-01474 Schönfeld-Weißig (DE). DAHL, Edgar [DE/DE]; Eleonore-Procheska-Strasse 6, D-14480 Potsdam (DE). ROSENTHAL, André [DE/DE]; Koppenplatz 10, D-10115 Berlin (DE).	(81) Bestimmungsstaaten: JP, US, europäisches Patent (AT, BE, CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE). Veröffentlicht <i>Mit internationalem Recherchenbericht.</i> (88) Veröffentlichungsdatum des internationalen Recherchenberichts: 15. Juni 2000 (15.06.00)	

(54) Title: HUMAN NUCLEIC ACID SEQUENCES OBTAINED FROM PANCREAS TUMOR TISSUE

(54) Bezeichnung: MENSCHLICHE NUKLEINSÄURESEQUENZEN AUS PANKREASTUMORGEWEBE

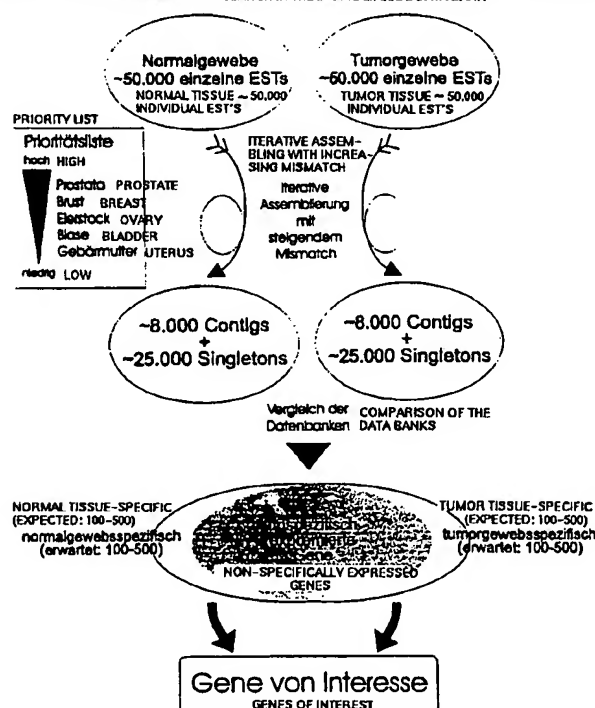
(57) Abstract

The invention relates to human nucleic acid sequences mRNA, cDNA, genomic sequences obtained from pancreas tumor tissue which code for the gene products or parts thereof, and to the utilization of said sequences. The invention also relates to polypeptides obtained via the sequences and to the utilization of said polypeptides.

(57) Zusammenfassung

Es werden menschliche Nukleinsäuresequenzen - mRNA, cDNA, genomische Sequenzen - aus Pankreastumorgewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, und deren Verwendung beschrieben. Es werden weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung beschrieben.

Systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank
SYSTEMATIC GENE SEARCH IN THE INCYTE LIFESEQ DATA BANK



LEDIGLICH ZUR INFORMATION

Codes zur Identifizierung von PCT-Vertragsstaaten auf den Kopfbögen der Schriften, die internationale Anmeldungen gemäss dem PCT veröffentlichen.

AL	Albanien	ES	Spanien	LS	Lesotho	SI	Slowenien
AM	Armenien	FI	Finnland	LT	Litauen	SK	Slowakei
AT	Österreich	FR	Frankreich	LU	Luxemburg	SN	Senegal
AU	Australien	GA	Gabun	LV	Lettland	SZ	Swasiland
AZ	Aserbaidshan	GB	Vereinigtes Königreich	MC	Monaco	TD	Tschad
BA	Bosnien-Herzegowina	GE	Georgien	MD	Republik Moldau	TG	Togo
BB	Barbados	GH	Ghana	MG	Madagaskar	TJ	Tadschikistan
BE	Belgien	GN	Guinea	MK	Die ehemalige jugoslawische Republik Mazedonien	TM	Turkmenistan
BF	Burkina Faso	GR	Griechenland	ML	Mali	TR	Türkei
BG	Bulgarien	HU	Ungarn	MN	Mongolei	TT	Trinidad und Tobago
BJ	Benin	IE	Irland	MR	Mauretanien	UA	Ukraine
BR	Brasilien	IL	Israel	MW	Malawi	UG	Uganda
BY	Belarus	IS	Island	MX	Mexiko	US	Vereinigte Staaten von Amerika
CA	Kanada	IT	Italien	NE	Niger	UZ	Usbekistan
CF	Zentralafrikanische Republik	JP	Japan	NL	Niederlande	VN	Vietnam
CG	Kongo	KE	Kenia	NO	Norwegen	YU	Jugoslawien
CH	Schweiz	KG	Kirgisistan	NZ	Neuseeland	ZW	Zimbabwe
CI	Côte d'Ivoire	KP	Demokratische Volksrepublik Korea	PL	Polen		
CM	Kamerun	KR	Republik Korea	PT	Portugal		
CN	China	KZ	Kasachstan	RO	Rumänien		
CU	Kuba	LC	St. Lucia	RU	Russische Föderation		
CZ	Tschechische Republik	LI	Licchtenstein	SD	Sudan		
DE	Deutschland	LK	Sri Lanka	SE	Schweden		
DK	Dänemark	LR	Liberia	SG	Singapur		
EE	Estland						

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International Application No

PCT/DE 99/01258

A. CLASSIFICATION OF SUBJECT MATTER

IPC 6 C12N15/12 C07K14/435 C12N15/63 C12N15/85 C07K16/18
A61K38/17 A61K48/00

According to International Patent Classification (IPC) or to both national classification and IPC

B. FIELDS SEARCHED

Minimum documentation searched (classification system followed by classification symbols)

IPC 6 C12N C07K A61K

Documentation searched other than minimum documentation to the extent that such documents are included in the fields searched

Electronic data base consulted during the international search (name of data base and, where practical, search terms used)

C. DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category *	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
X	EMBL Datenbank, Heidelberg, DE EMHUM2 Eintrag No. AL020991 12. Dezember 1997 BIRD, C.: "Homo sapiens DNA sequence from PAC 884M20 on chromosome Xp11.21" XP002126820 the whole document	1,4-7, 10,23, 24,26,33
X	EMBL Datenbank, Heidelberg, DE EMEST1 Eintrag No. AA554484 11. September 1997 NCI-CGAP: "ni36b01.s1 NCI CGAP Lu1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:978889" XP002126821 the whole document	1,5-10, 38

	--- -/--	

☒ Further documents are listed in the continuation of box C.

☒ Patent family members are listed in annex.

* Special categories of cited documents:

- *A* document defining the general state of the art which is not considered to be of particular relevance
- *E* earlier document but published on or after the international filing date
- *L* document which may throw doubts on priority claim(s) or which is cited to establish the publication date of another citation or other special reason (as specified)
- *O* document referring to an oral disclosure, use, exhibition or other means
- *P* document published prior to the international filing date but later than the priority date claimed

T later document published after the international filing date or priority date and not in conflict with the application but cited to understand the principle or theory underlying the invention

X document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered novel or cannot be considered to involve an inventive step when the document is taken alone

Y document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered to involve an inventive step when the document is combined with one or more other such documents, such combination being obvious to a person skilled in the art.

G document member of the same patent family

Date of the actual completion of the international search

13 January 2000

Date of mailing of the international search report

22. 3. 00

Name and mailing address of the ISA

European Patent Office, P.B. 5818 Patentlaan 2
NL - 2280 HV Rijswijk
Tel. (+31-70) 340-2040, Tx. 31 651 epo nl,
Fax: (+31-70) 340-3016

Authorized officer

Fuchs, U

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International Application No

PCT/DE 99/01258

C.(Continuation) DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category *	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
X	EP 0 679 716 A (MATSUBARA, KENICHI & OKUBO, KOUSAKU) 2 November 1995 (1995-11-02) abstract SEQ ID NO: 6673 page 1877	1,5, 7-10,34, 38
A	--- MÜLLER-PILLASCH, F. ET AL.: "Identification of a new tumor-associated antigen TM4SF5 and its expression in human cancer" GENE, vol. 208, no. 1, 16 February 1998 (1998-02-16), pages 25-30, XP004132007 abstract page 27; figure 1	1-14, 16-24, 26-34, 36-38
A	--- YOKOYAMA, M. ET AL.: "Betacellulin, a member of the epidermal growth factor family, is overexpressed in human pancreatic cancer" INTERNATIONAL JOURNAL OF ONCOLOGY, vol. 7, no. 4, 1 October 1995 (1995-10-01), pages 825-829, XP000670300 page 827; figure 3	1-14, 16-24, 26-34, 36-38
P,X	--- SURINYA, K.H. ET AL.: "Identification and Characterization of a Conserved Erythroid-specific Enhancer Located in Intron 8 of the Human 5-Aminolevulinate Synthase 2 Gene" JOURNAL OF BIOLOGICAL CHEMISTRY, vol. 273, no. 27, 3 July 1998 (1998-07-03), pages 16798-16809, XP002126819 abstract page 16798, column 1, line 46 - line 47 page 16801; figure 1 page 16801, column 1, line 9 - line 13 -& EMBL Datenbank, Heidelberg, DE EMHUM1 Eintrag No. AF068624 17. Juni 1998 COX, T.C.: "Homo sapiens 5-aminolevulinate synthase 2 (ALAS2) gene, complete cds" XP002126822 the whole document --- -/--	1,5-7, 10,24

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

Intern. Application No

PCT/DE 99/01258

C.(Continuation) DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category *	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
T	<p>SCHMITT, A.O. ET AL.: "Exhaustive mining of EST libraries for genes differentially expressed in normal and tumor tissue" NUCLEIC ACIDS RESEARCH, vol. 27, no. 21, 1 November 1999 (1999-11-01), pages 4251-4260, XP002126641 the whole document</p> <p>-----</p>	<p>1-14, 16-24, 26-34, 36-38</p>

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No.

PCT/DE 99/01258

Box I Observations where certain claims were found unsearchable (Continuation of item 1 of first sheet)

This international search report has not been established in respect of certain claims under Article 17(2)(a) for the following reasons:

1. ☐ Claims Nos.:
because they relate to subject matter not required to be searched by this Authority, namely:

2. ☒ Claims Nos.: 15, 25 and 35
because they relate to parts of the international application that do not comply with the prescribed requirements to such an extent that no meaningful international search can be carried out, specifically:
See Supplemental Sheet Additional Matter PCT/ISA/210

3. ☐ Claims Nos.:
because they are dependent claims and are not drafted in accordance with the second and third sentences of Rule 6.4(a).

Box II Observations where unity of invention is lacking (Continuation of item 2 of first sheet)

This International Searching Authority found multiple inventions in this international application, as follows:

1. ☐ As all required additional search fees were timely paid by the applicant, this international search report covers all searchable claims.
2. ☐ As all searchable claims could be searched without effort justifying an additional fee, this Authority did not invite payment of any additional fee.
3. ☐ As only some of the required additional search fees were timely paid by the applicant, this international search report covers only those claims for which fees were paid, specifically claims Nos.:

4. ☒ No required additional search fees were timely paid by the applicant. Consequently, this international search report is restricted to the invention first mentioned in the claims; it is covered by claims Nos.:

(1-14, 16-24, 26-34 and 36-38) in part

Remark on Protest

- ☐ The additional search fees were accompanied by the applicant's protest.
☐ No protest accompanied the payment of additional search fees.

Continuation of Field I.2

Claims Nos. 15, 25 and 35

The relevant Patent Claim No. 15 relates to a DNA fragment which can be obtained according to Claim No. 14 and which comprises a gene. As the patent claim lacks the corresponding support and the patent application lacks the necessary disclosure, no search was conducted for the DNA fragment laid claim to in Claim No. 15.

The relevant Patent Claim No. 25 relates to a polypeptide characterized by a worthwhile peculiarity or quality, i.e. the ability to bind to a polypeptide partial sequence according to Claim No. 23. For this reason, the patent claim comprises all polypeptides which exhibit this peculiarity or quality, whereas the description of the patent application does not provide any support under the terms of PCT Article 5 for such a polypeptide. In the case in question, the patent claim lacks the corresponding support or the patent application lacks the necessary disclosure to such a degree that a meaningful search appears to be impossible to conduct with respect to the scope for which protection is sought. Nevertheless, the patent claim also lacks the clarity required in PCT Article 6, whereby an attempt was made to define the polypeptide in terms of the outcome. This absence of clarity is such that it makes it impossible to conduct a meaningful search with respect to the scope for which protection is sought. For this reason, no search was carried out for the polypeptides laid claim to in Claim No. 25.

The relevant Patent Claim No. 35 relates to an excessively large number of possible products which cannot be supported by the description under the terms of PCT Article 6 and cannot be regarded as being disclosed in the patent application under the terms of PCT Article 5. In the case in question, the patent claim lacks the corresponding support and the patent application lacks the necessary disclosure to such a degree that a meaningful search appears to be impossible to conduct with respect to the scope for which protection is sought. For this reason, no search was carried out for the products laid claim to in Claim No. 35.

The applicant is therefore advised that patent claims or sections of patent claims laid to inventions for which no international search report was drafted normally cannot be the subject of an international preliminary examination (PCT Rule 66.1(e)). Similar to the authority entrusted with the task of carrying out the international preliminary examination, the EPO also does not generally carry out a preliminary examination of subject matter for which no search has been conducted. This is also valid in the case when the patent claims have been amended after receipt of the international search report (PCT Article 19), or in the case when the applicant submits new patent claims pursuant to the procedure in accordance with PCT Chapter II.

1. Claims Nos. (1-14, 16-24, 26-34 and 36-38) in part

Nucleic acid sequence relating to SEQ ID NO: 1, an allelic or complementary variant thereof; BAC, PAC and cosmid clone, expression cassette and host cell containing this sequence; applications of said nucleic acid sequence and methods for producing a polypeptide. Antibody directed against a polypeptide or fragment which is coded by the nucleic acid sequence SEQ ID NO: 1; polypeptide partial sequences relating to SEQ ID NOS: 158, 159, 160 (according to Table II) and the applications thereof; medicaments containing at least one polypeptide partial sequence SEQ ID NOS: 158, 159, 160.

Inventions 2 to 178, Claims Nos. (1-14, 16-24, 26-34 and 36-38) in part

Nucleic acid sequence successively relating to the individual SEQ ID NOS: 2 to 157, 597 to 617, an allelic or complementary variant thereof; BAC, PAC and cosmid clone, expression cassette and host cell containing this sequence; applications of said nucleic acid sequence and methods for producing a polypeptide. Antibody directed against a polypeptide or fragment which is coded by the nucleic acid sequence SEQ ID NOS: 2-157, 597-617; polypeptide partial sequences relating to SEQ ID NOS: 161-596, 618-659 (according to Table II) and the applications thereof; medicaments containing at least one polypeptide partial sequence SEQ ID NOS: 161-596, 618-659.

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

Information on patent family members

International Application No

PCT/DE 99/01258

Patent document cited in search report	Publication date	Patent family member(s)	Publication date
EP 0679716 A	02-11-1995	AU 8116494 A	13-06-1995
		CA 2153480 A	01-06-1995
		WO 9514772 A	01-06-1995

INTERNATIONALER RECHERCHENBERICHT

Intern. Jnales Aktenzeichen

PCT/DE 99/01258

A. KLASSTFIZIERUNG DES ANMELDUNGSGEGENSTANDES

IPK 6 C12N15/12 C07K14/435 C12N15/63 C12N15/85 C07K16/18
A61K38/17 A61K48/00

Nach der internationalen Patentklassifikation (IPK) oder nach der nationalen Klassifikation und der IPK

B. RECHERCHIERTE GEBIETE

Recherchierte Mindestprüfstoff (Klassifikationssystem und Klassifikationssymbole)

IPK 6 C12N C07K A61K

Recherchierte aber nicht zum Mindestprüfstoff gehorende Veröffentlichungen, soweit diese unter die recherchierten Gebiete fallen

Während der internationalen Recherche konsultierte elektronische Datenbank (Name der Datenbank und evtl. verwendete Suchbegriffe)

C. ALS WESENTLICH ANGESEHENE UNTERLAGEN

Kategorie*	Bezeichnung der Veröffentlichung, soweit erforderlich unter Angabe der in Betracht kommenden Teile	Betr. Anspruch Nr.
X	EMBL Datenbank, Heidelberg, DE EMHUM2 Eintrag No. AL020991 12. Dezember 1997 BIRD, C.: "Homo sapiens DNA sequence from PAC 884M20 on chromosome Xp11.21" XP002126820 das ganze Dokument	1,4-7, 10,23, 24,26,33
X	EMBL Datenbank, Heidelberg, DE EMEST1 Eintrag No. AA554484 11. September 1997 NCI-CGAP: "ni36b01.s1 NCI CGAP Lu1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:978889" XP002126821 das ganze Dokument	1,5-10, 38



Weitere Veröffentlichungen sind der Fortsetzung von Feld C zu entnehmen



Siehe Anhang Patentfamilie

* Besondere Kategorien von angegebenen Veröffentlichungen :

A Veröffentlichung, die den allgemeinen Stand der Technik definiert, aber nicht als besonders bedeutsam anzusehen ist

E älteres Dokument, das jedoch erst am oder nach dem internationalen Anmeldedatum veröffentlicht worden ist

L Veröffentlichung, die geeignet ist, einen Prioritätsanspruch zweifelhaft erscheinen zu lassen, oder durch die das Veröffentlichungsdatum einer anderen im Recherchenbericht genannten Veröffentlichung belegt werden soll oder die aus einem anderen besonderen Grund angegeben ist (wie ausgeführt)

O Veröffentlichung, die sich auf eine mündliche Offenbarung, eine Benutzung, eine Ausstellung oder andere Maßnahmen bezieht

P Veröffentlichung, die vor dem internationalen Anmeldedatum, aber nach dem beanspruchten Prioritätsdatum veröffentlicht worden ist

T Spätere Veröffentlichung, die nach dem internationalen Anmeldedatum oder dem Prioritätsdatum veröffentlicht worden ist und mit der Anmeldung nicht kollidiert, sondern nur zum Verständnis des der Erfindung zugrundeliegenden Prinzips oder der ihr zugrundeliegenden Theorie angegeben ist

X Veröffentlichung von besonderer Bedeutung; die beanspruchte Erfindung kann allein aufgrund dieser Veröffentlichung nicht als neu oder auf erfinderischer Tätigkeit beruhend betrachtet werden

Y Veröffentlichung von besonderer Bedeutung; die beanspruchte Erfindung kann nicht als auf erfinderischer Tätigkeit beruhend betrachtet werden, wenn die Veröffentlichung mit einer oder mehreren anderen Veröffentlichungen dieser Kategorie in Verbindung gebracht wird und diese Verbindung für einen Fachmann naheliegend ist

Z Veröffentlichung, die Mitglied derselben Patentfamilie ist

Datum des Abschlusses der internationalen Recherche

13. Januar 2000

Absenddatum des internationalen Recherchenberichts

22. 3. 00

Name und Postanschrift der Internationalen Recherchenbehörde

Europäisches Patentamt, P.B. 5818 Patentaan 2
NL - 2280 HV Rijswijk
Tel. (+31-70) 340-2040, Tx. 31 651 epo nl,
Fax: (+31-70) 340-3016

Bevollmächtigter Bediensteter

Fuchs, U

INTERNATIONALER RECHERCHENBERICHT

Internationales Aktenzeichen

PCT/DE 99/01258

C.(Fortsetzung) ALS WESENTLICH ANGESEHENE UNTERLAGEN		
Kategorie*	Bezeichnung der Veröffentlichung, soweit erforderlich unter Angabe der in Betracht kommenden Teile	Betr. Anspruch Nr.
X	EP 0 679 716 A (MATSUBARA, KENICHI & OKUBO, KOUSAKU) 2. November 1995 (1995-11-02) Zusammenfassung SEQ ID NO: 6673 Seite 1877	1,5, 7-10,34, 38
A	--- MÜLLER-PILLASCH, F. ET AL.: "Identification of a new tumor-associated antigen TM4SF5 and its expression in human cancer" GENE, Bd. 208, Nr. 1, 16. Februar 1998 (1998-02-16), Seiten 25-30, XP004132007 Zusammenfassung Seite 27; Abbildung 1	1-14, 16-24, 26-34, 36-38
A	--- YOKOYAMA, M. ET AL.: "Betacellulin, a member of the epidermal growth factor family, is overexpressed in human pancreatic cancer" INTERNATIONAL JOURNAL OF ONCOLOGY, Bd. 7, Nr. 4, 1. Oktober 1995 (1995-10-01), Seiten 825-829, XP000670300 Seite 827; Abbildung 3	1-14, 16-24, 26-34, 36-38
P,X	--- SURINYA, K.H. ET AL.: "Identification and Characterization of a Conserved Erythroid-specific Enhancer Located in Intron 8 of the Human 5-Aminolevulinate Synthase 2 Gene" JOURNAL OF BIOLOGICAL CHEMISTRY, Bd. 273, Nr. 27, 3. Juli 1998 (1998-07-03), Seiten 16798-16809, XP002126819 Zusammenfassung Seite 16798, Spalte 1, Zeile 46 - Zeile 47 Seite 16801; Abbildung 1 Seite 16801, Spalte 1, Zeile 9 - Zeile 13 -& EMBL Datenbank, Heidelberg, DE EMHUM1 Eintrag No. AF068624 17. Juni 1998 COX, T.C.: "Homo sapiens 5-aminolevulinate synthase 2 (ALAS2) gene, complete cds" XP002126822 das ganze Dokument --- -/--	1,5-7, 10,24

INTERNATIONALER RECHERCHENBERICHT

Internationales Aktenzeichen

PCT/DE 99/01258

C.(Fortsetzung) ALS WESENTLICH ANGESEHENE UNTERLAGEN

Kategorie*	Bezeichnung der Veröffentlichung, soweit erforderlich unter Angabe der in Betracht kommenden Teile	Betr. Anspruch Nr.
T	<p>SCHMITT, A.O. ET AL.: "Exhaustive mining of EST libraries for genes differentially expressed in normal and tumor tissue"</p> <p>NUCLEIC ACIDS RESEARCH, Bd. 27, Nr. 21, 1. November 1999 (1999-11-01), Seiten 4251-4260, XP002126641 das ganze Dokument</p> <p>-----</p>	<p>1-14, 16-24, 26-34, 36-38</p>

INTERNATIONALER RECHERCHENBERICHT

Internationales Aktenzeichen
PCT/DE 99/01258

Feld I Bemerkungen zu den Ansprüchen, die sich als nicht recherchierbar erwiesen haben (Fortsetzung von Punkt 2 auf Blatt 1)

Gemäß Artikel 17(2)a) wurde aus folgenden Gründen für bestimmte Ansprüche kein Recherchenbericht erstellt:

1. ☐ Ansprüche Nr.
weil sie sich auf Gegenstände beziehen, zu deren Recherche die Behörde nicht verpflichtet ist, nämlich

2. ☒ Ansprüche Nr. 15, 25 und 35
weil sie sich auf Teile der internationalen Anmeldung beziehen, die den vorgeschriebenen Anforderungen so wenig entsprechen, daß eine sinnvolle internationale Recherche nicht durchgeführt werden kann, nämlich
siehe Zusatzblatt WEITERE ANGABEN PCT/ISA/210

3. ☐ Ansprüche Nr.
weil es sich dabei um abhängige Ansprüche handelt, die nicht entsprechend Satz 2 und 3 der Regel 6.4 a) abgefaßt sind.

Feld II Bemerkungen bei mangelnder Einheitlichkeit der Erfindung (Fortsetzung von Punkt 3 auf Blatt 1)

Die internationale Recherchenbehörde hat festgestellt, daß diese internationale Anmeldung mehrere Erfindungen enthält:

1. ☐ Da der Anmelder alle erforderlichen zusätzlichen Recherchegebühren rechtzeitig entrichtet hat, erstreckt sich dieser internationale Recherchenbericht auf alle recherchierbaren Ansprüche.

2. ☐ Da für alle recherchierbaren Ansprüche die Recherche ohne einen Arbeitsaufwand durchgeführt werden konnte, der eine zusätzliche Recherchegebühr gerechtfertigt hätte, hat die Behörde nicht zur Zahlung einer solchen Gebühr aufgefordert.

3. ☐ Da der Anmelder nur einige der erforderlichen zusätzlichen Recherchegebühren rechtzeitig entrichtet hat, erstreckt sich dieser internationale Recherchenbericht nur auf die Ansprüche, für die Gebühren entrichtet worden sind, nämlich auf die Ansprüche Nr.

4. ☒ Der Anmelder hat die erforderlichen zusätzlichen Recherchegebühren nicht rechtzeitig entrichtet. Der internationale Recherchenbericht beschränkt sich daher auf die in den Ansprüchen zuerst erwähnte Erfindung; diese ist in folgenden Ansprüchen erfaßt:
(1-14, 16-24, 26-34 und 36-38) teilweise

Bemerkungen hinsichtlich eines Widerspruchs

- ☐ Die zusätzlichen Gebühren wurden vom Anmelder unter Widerspruch gezahlt.
- ☐ Die Zahlung zusätzlicher Recherchegebühren erfolgte ohne Widerspruch.

WEITERE ANGABEN

PCT/ISA/ 210

Fortsetzung von Feld I.2

Ansprüche Nr.: 15, 25 und 35

Der geltende Patentanspruch 15 bezieht sich auf ein gemäss Anspruch 14 erhältliches DNA-Fragment, welches ein Gen umfasst. Da dem Patentanspruch die entsprechende Stütze und der Patentanmeldung die nötige Offenbarung fehlen, wurde keine Recherche für das in Anspruch 15 beanspruchte DNA-Fragment ausgeführt.

Der geltende Patentanspruch 25 bezieht sich auf ein Polypeptid, charakterisiert durch eine erstrebenswerte Eigenheit oder Eigenschaft, nämlich die Fähigkeit, an eine Polypeptid-Teilsequenz gemäss Anspruch 23 zu binden. Der Patentanspruch umfasst daher alle Polypeptide, die diese Eigenheit oder Eigenschaft aufweisen, wohingegen die Patentanmeldung keine Stütze durch die Beschreibung im Sinne von Art. 5 PCT für solch ein Polypeptid liefert. Im vorliegenden Fall fehlt dem Patentanspruch die entsprechende Stütze bzw. der Patentanmeldung die nötige Offenbarung in einem solchen Maße, daß eine sinnvolle Recherche über den erstrebten Schutzbereich unmöglich erscheint. Desungeachtet fehlt dem Patentanspruch auch die in Art. 6 PCT geforderte Klarheit, nachdem in ihm versucht wird, das Polypeptid über das jeweils erstrebte Ergebnis zu definieren. Auch dieser Mangel an Klarheit ist dergestalt, daß er eine sinnvolle Recherche über den erstrebten Schutzbereich unmöglich macht. Daher wurde keine Recherche für die in Anspruch 25 beanspruchten Polypeptide ausgeführt.

Der geltende Patentanspruch 35 bezieht sich auf eine unverhältnismäßig große Zahl möglicher Produkte, welche sich weder im Sinne von Art. 6 PCT auf die Beschreibung stützen und noch im Sinne von Art. 5 PCT als in der Patentanmeldung offenbart gelten können. Im vorliegenden Fall fehlt dem Patentanspruch die entsprechende Stütze und fehlt der Patentanmeldung die nötige Offenbarung in einem solchen Maße, daß eine sinnvolle Recherche über den erstrebten Schutzbereich unmöglich erscheint. Daher wurde keine Recherche für die in Anspruch 35 beanspruchten Produkte ausgeführt.

Der Anmelder wird darauf hingewiesen, daß Patentansprüche, oder Teile von Patentansprüchen, auf Erfindungen, für die kein internationaler Recherchenbericht erstellt wurde, normalerweise nicht Gegenstand einer internationalen vorläufigen Prüfung sein können (Regel 66.1(e) PCT). In seiner Eigenschaft als mit der internationalen vorläufigen Prüfung beauftragte Behörde wird das EPA also in der Regel keine vorläufige Prüfung für Gegenstände durchführen, zu denen keine Recherche vorliegt. Dies gilt auch für den Fall, daß die Patentansprüche nach Erhalt des internationalen Recherchenberichtes geändert wurden (Art. 19 PCT), oder für den Fall, daß der Anmelder im Zuge des Verfahrens gemäß Kapitel II PCT neue Patentansprüche vorlegt.

WEITERE ANGABEN

PCT/ISA/ 210

1. Ansprüche: (1-14, 16-24, 26-34 und 36-38) teilweise

Nukleinsäuresequenz sich beziehend auf SEQ ID NO: 1, eine allelische oder komplementäre Variante davon; BAC, PAC und Cosmid-Klone, Expressionskassette, sowie Wirtszelle diese Sequenz enthaltend; Verwendungen besagter Nukleinsäuresequenz und Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids. Antikörper, gerichtet gegen ein Polypeptid oder Fragment, welches von der Nukleinsäuresequenz SEQ ID NO: 1 kodiert wird; Polypeptid-Teilsequenzen sich beziehend auf SEQ ID NOS: 158, 159, 160 (entsprechend Tabelle II) und deren Verwendungen; Arzneimittel, enthaltend mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz SEQ ID NOS: 158, 159, 160.

Erfindungen 2 bis 178, Ansprüche: (1-14, 16-24, 26-34 und 36-38) teilweise

Nukleinsäuresequenz sich sukzessiv beziehend auf die einzelnen SEQ ID NOS: 2 bis 157, 597 bis 617, eine allelische oder komplementäre Variante davon; BAC, PAC und Cosmid-Klone, Expressionskassette, sowie Wirtszelle diese Sequenz enthaltend; Verwendungen besagter Nukleinsäuresequenz und Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids. Antikörper, gerichtet gegen ein Polypeptid oder Fragment, welches von der Nukleinsäuresequenz SEQ ID NOS: 2-157, 597-617 kodiert wird; Polypeptid-Teilsequenzen sich beziehend auf SEQ ID NOS: 161-596, 618-659 (entsprechend Tabelle II) und deren Verwendungen; Arzneimittel, enthaltend mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz SEQ ID NOS: 161-596, 618-659.

INTERNATIONALER RECHERCHENBERICHT
Angaben zu Veröffentlichungen, die zur selben Patentfamilie gehören

Internationales Aktenzeichen

PCT/DE 99/01258

Im Recherchenbericht angeführtes Patentdokument	Datum der Veröffentlichung	Mitglied(er) der Patentfamilie	Datum der Veröffentlichung
EP 0679716 A	02-11-1995	AU 8116494 A	13-06-1995
		CA 2153480 A	01-06-1995
		WO 9514772 A	01-06-1995
